

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international(43) Date de la publication internationale
3 juin 2004 (03.06.2004)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 2004/046355 A2(5) Classification internationale des brevets⁷ : C12N 15/12(74) Mandataire : CABINET ORES; 36, rue de St Péters-
bourg, F-75008 Paris (FR).

(2) Numéro de la demande internationale :

PCT/FR2003/003413

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH,
GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC,
LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW,
MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC,
SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA,
UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(22) Date de dépôt International :

18 novembre 2003 (18.11.2003)

(25) Langue de dépôt :

français

(26) Langue de publication :

français

(39) Données relatives à la priorité :

02/14374 18 novembre 2002 (18.11.2002) FR

(71) Déposants (pour tous les États désignés sauf US) : COM-
MISSARIAT A L'ENERGIE ATOMIQUE [FR/FR];
31-33, rue de la Fédération, F-75015 Paris (FR). UNI-
VERSITE JOSEPH FOURIER [FR/FR]; Domaine
Universitaire de Saint-Martin d'Hères, F-38041 GRENO-
BLE (FR).(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (BW, GH, GM,
KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), brevet
eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet
européen (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI,
FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK,
TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ,
GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publiée :

— sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) : SEVE,
Michel [FR/FR]; 6, rue Roger Guigue, F-38000 Grenoble
(FR). FAVIER, Alain [FR/FR]; Les Maréchaux, F-38190
Bernin (FR).En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.(54) Title: PROTEIN SPECIFIC TO PANCREATIC BETA CELLS IN ISLETS OF LANGERHANS AND APPLICATIONS
THEREOF(54) Titre : PROTEINE SPECIFIQUE DES CELLULES PANCREATIQUES BETA DES ILOTS DE LANGERHANS ET SES
APPLICATIONS.(57) Abstract: The invention relates to protein ZnT-8 which is specifically expressed in the pancreatic beta cells in islets of Langer-
hans, to a polynucleotide encoding said protein which is involved in the maturation and exocytosis of insulin, and to the applications
thereof, for example, for sorting and studying beta cells and for screening medicine acting on diabetes and hyperinsulinism.(57) Abrégé : Protéine dénommée ZnT-8, exprimée de manière spécifique dans les cellules pancréatiques bêta des îlots de Lange-
rhans, polynucléotide codant ladite protéine qui est impliquée dans la maturation et l'exocytose de l'insuline, et leurs applications
notamment pour le tri et l'étude des cellules bêta, ainsi que pour le criblage de médicaments actifs sur le diabète et l'hyperinsulinisme.

PROTEINE SPECIFIQUE DES CELLULES PANCREATIQUES BETA DES ILOTS DE LANGERHANS ET SES APPLICATIONS

La présente Invention est relative à une protéine dénommée ZnT-8, exprimée de manière spécifique dans les cellules pancréatiques bêta des îlots de Langerhans, au polynucléotide codant ladite protéine qui est impliquée dans la maturation et l'exocytose de l'insuline, ainsi qu'à leurs applications notamment pour le tri et l'étude des cellules bêta, ainsi que pour le criblage de médicaments actifs sur le diabète et l'hyperinsulinisme.

Le diabète est une des maladies les plus fréquentes, affectant 5 % de la population des pays industrialisés et en constante augmentation dans tous les pays du monde (prévision : 300 millions en 2025, dont 2,4 millions en France). Parmi les diverses formes de diabète, le diabète de type I ou insulino-dépendant affecte environ 500 000 à 1 million d'individus aux Etats-Unis et 150 000 en France soit 0,2 à 0,4 % de la population. Les symptômes caractéristiques comprennent un taux élevé de sucre dans le sang et dans les urines, une diurèse importante, une faim et une soif intenses ainsi qu'une perte de poids.

Le diabète de type II non insulino-dépendant (DNID), aussi décrit sous le nom de diabète "gras" ou diabète de la maturité, survient souvent autour de la cinquantaine. Il est traité par un régime, la prise de médicaments par voie orale, et l'insuline, après quelques années d'évolution. Aujourd'hui, 2 millions de Français sont traités avec des médicaments antidiabétiques et/ou de l'insuline.

Bien que le diabète puisse être contrôlé par des injections d'insuline et des apports contrôlés en glucides, les complications associées à cette pathologie nécessitent de nos jours de nouvelles approches, dans sa prévention, son traitement et son diagnostic.

Le pancréas comprend deux structures distinctes aussi bien morphologiquement que physiologiquement :

- le pancréas exocrine qui produit les enzymes intervenant dans la digestion (amylase, lipase, etc.) et le bicarbonate de sodium ;
- le pancréas endocrine qui produit les hormones intervenant dans le contrôle du glucose sanguin (insuline, glucagon, somatostatine et polypeptide pancréatique).

Les cellules du pancréas endocrine sont organisées en micro-organes dispersés dans le pancréas sous forme d'îlots (îlots de Langerhans ou îlots pancréatiques). Chaque îlot pancréatique est composé de 4 types cellulaires : les cellules alpha, bêta, delta, et les cellules PP. Les cellules alpha sont situées à la périphérie de l'îlot et
5 secrètent le glucagon. Les cellules bêta sont retrouvées au centre de l'îlot et sont les seules cellules capables de sécréter l'insuline en réponse au glucose. Les cellules delta sont à la périphérie et secrètent la somatostatine. La fonction des cellules PP est plus controversée (synthèse du polypeptide pancréatique).

L'absence de modèle cellulaire d'étude de la cellule bêta, ainsi que
10 l'absence de moyen fiable et efficace de tri cellulaire adapté à ce type de cellule, freine l'étude de son fonctionnement et donc la mise au point de nouvelles méthodes de traitement du diabète de type I et II.

Parmi les traitements du diabète, outre l'administration régulière d'insuline, une des voies du contrôle physiologique de la glycémie et de la normalisation de la glycémie chez les diabétiques est le passage par la restauration d'une sécrétion d'insuline *in vivo* à partir de cellules. Dans cette optique plusieurs solutions ont été
15 proposées :

- l'obtention de cellules productrices d'insuline chez l'animal pour la réalisation d'une xénotransplantation ;
- 20 - la différenciation *in vitro* en cellules sécrétrices d'insuline à partir de cellules souches isolées, dans un but de réimplantation [1], ceci afin de contourner les problèmes d'immunité et la nécessité d'un traitement immunosuppresseur du patient. Mais la production de quantités importantes de cellules à faible coût, productrices d'insuline par différenciation de cellules souches, nécessite de nouveaux outils
25 biomoléculaires, notamment utiles pour le phénotypage et la purification des cellules différenciées ;
- la transplantation d'îlots pancréatiques ; de nombreux travaux ont eu récemment pour objet la préparation d'îlots ou de cellules bêta pancréatiques à des fins thérapeutiques. La première étape de la transplantation est le prélèvement du
30 pancréas sur un donneur en état de mort cérébrale. L'isolement des îlots commence par une digestion enzymatique du pancréas au moyen d'une solution de collagénase. Toutes les transplantations ne requièrent pas une purification des îlots digérés. Toutefois, la

plupart des chercheurs s'accordent aujourd'hui pour dire que la purification des îlots est nécessaire pour une allotransplantation [2]. Les îlots sont ensuite transplantés, à raison d'une masse suffisante (minimum 3000 IEQ/kg) par injection intraportale (IEQ : Islet Equivalent, Equivalent Ilôt).

5 Toutefois, l'isolement d'îlots ou de cellules bêta pancréatiques nécessite des moyens de sélection et d'identification des cellules bêta, spécifiques et fiables.

Des travaux antérieurs ont tenté de mettre au point des méthodes de marquage des cellules bêta. On peut citer :

10 - le marquage par la GFP (Green Fluorescent Protein) qui permet un marquage fluorescent de la cellule. L'inconvénient majeur de cette technique est la nécessité d'introduire un gène exogène ou transgène dans la cellule, qui plus est par l'utilisation d'un vecteur viral (adénovirus) [1] ;

15 - la technique basée sur l'autofluorescence importante de la cellule bêta [2]. Mais cette technique manque de spécificité vis-à-vis du type cellulaire ;

 - l'incubation des cellules avec un fluorochrome spécifique du zinc : le Newport Green [3] ou la dithizone [4]. Cette technique est basée sur la teneur importante en zinc de la cellule bêta. Le zinc est un constituant important des granules de sécrétion de l'insuline, et en outre, joue un rôle dans le contrôle de cette sécrétion
20 [5]. Mais ces techniques présentent de nombreux inconvénients : utilisation d'un produit chimique, risque de toxicité vis-à-vis de la cellule bêta, manque de spécificité vis-à-vis du type cellulaire. De plus, la dithizone pose un problème de photodégradation rapide [6] ;

 - la mise en évidence de manière indirecte par reconnaissance par
25 un clone de cellules T (WO 91/17186) d'un antigène exprimé par les cellules bêta. Les travaux initiaux sur cet antigène n'apportaient pas de résultats en terme de caractérisation de la séquence peptidique, ainsi qu'en terme de sélectivité de la cellule bêta par rapport aux autres types cellulaires de l'îlot, mais également du pancréas ou de l'organisme. Des travaux plus récents des mêmes auteurs montrent une distribution
30 beaucoup plus large de cet antigène, qui de fait n'est pas spécifique de la cellule bêta [7].

En conséquence, il existe un manque de marqueur spécifique et fiable

de la cellule bêta des îlots pancréatiques de Langerhans.

C'est un des buts de la présente Invention que de fournir un tel marqueur.

L'îlot de Langerhans accumule de très grandes quantités de zinc et
5 nécessite donc un transporteur très efficace et très spécialisé pour accumuler ce zinc dans les vésicules de sécrétion [8]. L'insuline, produite et stockée dans la cellule pancréatique bêta, est libérée dans le milieu extracellulaire par exocytose en réponse à des stimuli externes, comme une élévation de la concentration en glucose. Cette élévation du glucose provoque une modification du rapport ATP/ADP, la fermeture des
10 canaux potassiques et l'ouverture des canaux calciques qui provoque l'exocytose [9].

Il est connu qu'en présence de zinc, l'insuline peut former des tétramères et des hexamères qui fixent le zinc dans un rapport insuline : zinc de 4 :1 et 6 :2 respectivement. L'insuline est stockée dans les granules de sécrétion sous la forme d'un solide composé d'hexamères liés à 2 atomes de zinc par hexamère. Les vésicules
15 contiennent du zinc en un excès de 1 à 1,5 fois la quantité nécessaire pour former les hexamères insuline-zinc. Au cours de l'exocytose de l'insuline, les vésicules riches en insuline fusionnent avec la membrane plasmique de la cellule bêta et libèrent l'insuline mais également le zinc, dans la circulation. Le zinc libéré agit dans une boucle de rétro-contrôle négatif sur les canaux potassiques, provoquant son activation et l'arrêt de
20 l'exocytose.

Dans les cellules de mammifères, 7 protéines homologues ayant une fonction de transporteur du zinc, dénommées ZnT-1, -2, -3, -4, -5, -6 et -7, ont été clonées et caractérisées. L'analyse de la structure primaire de ces protéines a permis de définir un motif structural commun composé de 6 domaines transmembranaires et d'une
25 boucle intracellulaire riche en histidine. ZnT-1 est un transporteur ubiquitaire localisé dans la membrane plasmique qui assure l'efflux de zinc hors de la cellule [11]. ZnT-2 permet à la cellule de tolérer un excès de zinc dans le milieu de culture, conférant ainsi une résistance au zinc par une localisation de celui-ci dans des vésicules intracytoplasmi-ques acides, assurant ainsi une accumulation du zinc dans la cellule bien supérieure à la normale [12]. ZnT-3 et ZnT-4 clonés chez l'homme, ont des fonctions
30 similaires à ZnT-2. ZnT-3 est spécifique de certains tissus et fortement exprimée dans le cerveau, dans les membranes des vésicules synaptiques riches en zinc, dans les fibres

10 moussues de l'hippocampe et dans les testicules. ZnT-4 est exprimée de manière ubiquitaire, mais des niveaux plus élevés sont retrouvés dans le cerveau et les cellules épithéliales. Ce transporteur est essentiel dans l'épithélium mammaire où il participe au contrôle du contenu en zinc du lait maternel. ZnT-5 et ZnT-6 sont aussi des transporteurs ubiquitaires localisés dans l'appareil de Golgi. ZnT-7 est un transporteur ubiquitaire, localisé spécifiquement dans le réticulum endoplasmique des cellules.

Des travaux précédents mentionnent une tentative de recherche de gènes impliqués dans le métabolisme du zinc dans la cellule bêta pancréatique. Ces travaux n'ont pas abouti à la mise en évidence d'une protéine ou d'un transporteur spécifique [10].

Les Inventeurs ont isolé un polynucléotide de 1110 paires de bases (SEQ ID NO:1) représentant l'ADNc correspondant à un ARNm exprimé de manière spécifique dans l'îlot de Langerhans, et plus particulièrement dans la cellule sécrétrice d'insuline ou cellule bêta.

15 Le polynucléotide de l'Invention, code pour une protéine dénommée ZnT-8, (SEQ ID NO:2), laquelle protéine de 369 acides aminés correspondant à une masse moléculaire estimée à 40,8 KDa, présente une structure primaire homologue à celle des protéines de la famille ZnT. Le gène codant ladite protéine est dénommé *ZnT-8*.

20 L'étude du potentiel transmembranaire de la protéine ZnT-8 complète montre qu'elle possède 6 domaines transmembranaires (acides aminés 74-95, 107-126, 141-163, 177-196, 216-240, 246-267), les extrémités N- et C-terminales étant situées dans le cytoplasme. Cette étude montre également que la structure secondaire de cette protéine présente 3 boucles d'acides aminés extracellulaires (acides aminés 96-106, 164-176, 241-245).

25 En outre, la localisation de la protéine ZnT-8 dans les vésicules de sécrétion de l'Insuline et sur la membrane plasmique indiquent qu'elle est impliquée dans l'accumulation du zinc dans les vésicules contenant l'insuline et joue donc un rôle dans la maturation et l'exocytose de l'insuline dans les cellules bêta des îlots pancréatiques de Langerhans.

30 La protéine ZnT-8 et le polynucléotide correspondant constituent pour la première fois un marqueur spécifique et fiable de la cellule bêta des îlots

pancréatiques de Langerhans ; les utilisations de ce marqueur sont notamment les suivantes :

- tri cellulaire ; le marqueur permet d'envisager un tri et un repérage sélectif des cellules bêta, sans modification chimique ou biologique desdites cellules, notamment à l'aide d'anticorps dirigés contre ladite protéine.
- modèle d'étude *in vitro* ; le marqueur peut être utilisé *in vitro* pour étudier : (i) la surexpression du transporteur (ZnT-8) dans des lignées de cellules modèles (insulinome de rat INS-1 par exemple) et de l'impact sur la sécrétion de l'insuline en réponse à une stimulation par le glucose, (ii) la sensibilité des cellules à la mort cellulaire (apoptose) induite par des conditions de stress oxydant ou de concentration faible ou forte en zinc, et (iii) les étapes de différenciation de cellules souches en cellules sécrétrices d'insuline en réponse à différentes stimulations exogène (facteurs de croissance, extraits pancréatiques).
- criblage de médicaments : le marqueur représente également une cible pharmacologique utile pour le criblage de substances capables de moduler l'expression du gène *ZnT-8* et/ou l'activité de la protéine ZnT-8, potentiellement utilisables pour le traitement du diabète et de l'hyperinsulinisme.
- diagnostic du diabète : le polynucléotide peut également avantageusement être mis en œuvre dans le diagnostic précoce du diabète dans les familles à risque, notamment en ce qu'il permet de détecter des mutations observables dans le gène *ZnT-8* et aussi de diminuer voir de supprimer les examens habituellement mis en œuvre.

Ainsi, la présente Invention a pour objet l'utilisation en tant que marqueur spécifique des cellules bêta des îlots pancréatiques de Langherans d'au moins un polynucléotide isolé ou de la protéine correspondante choisis parmi :

- les polynucléotides comprenant ou présentant l'une des séquences suivantes : (a) la séquence SEQ ID NO:1, (b) un fragment de la séquence SEQ ID NO:1 d'au moins 15 nucléotides consécutifs, de préférence 20 nucléotides, encore plus préférentiellement 25 à 30 nucléotides, (c) une séquence présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec l'une des séquences définies en (a) ou en (b), et (d) une séquence complémentaire, sens ou antisens de l'une des séquences définies en (a), (b) ou (c), et

- les protéines codées par les polynucléotides tels que définis en (a), (b), (c) ou (d) ci-dessus comprenant ou présentant l'une des séquences suivantes : (e) la séquence SEQ ID NO:2, (f) un fragment de la séquence SEQ ID NO:2 d'au moins 15 acides aminés consécutifs, (g) une séquence présentant un pourcentage d'identité d'au moins 60 % après alignement optimal avec l'une des séquences définies en (e) ou en (f) ou au moins 65 % de similarité, de préférence 80 % d'identité ou au moins 90 % de similarité, ou de manière encore plus préférée 90 % d'identité ou au moins 95 % de similarité.

L'invention englobe les utilisations de la protéine ZnT-8 et du polynucléotide correspondant telles que définies ci-dessus.

Le polynucléotide tel que défini ci-dessus, peut être isolé à partir de cellules de Langerhans ou à partir de banques d'ADN cellulaire, particulièrement de banques d'ADN de cellules pancréatiques, très particulièrement à partir d'une banque d'ADN de cellules pancréatiques humaines. De préférence, les cellules utilisées sont des cellules des îlots de Langerhans.

Le polynucléotide tel que défini ci-dessus peut également être obtenu par une réaction de polymérisation en chaîne (PCR) effectuée sur l'ADN total des cellules de Langerhans, par RT-PCR effectuée sur les ARN totaux des cellules bêta d'îlots pancréatiques de Langerhans ou par synthèse chimique.

Au sens de la présente Invention les définitions suivantes s'appliquent.

Par polynucléotide, on entend un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, comportant ou non des nucléotides non naturels. Ainsi, ce terme recouvre toute séquence qui code pour une protéine ZnT-8 ou un fragment de ladite protéine (ADN génomique, ARNm, ADNc) mais aussi les oligonucléotides, sens ou antisens, ainsi que les petits ARN interférents (small interfering RNA, siRNA) correspondants.

Par "acides nucléiques ou protéines présentant un pourcentage d'identité après alignement optimal avec une séquence de référence", on entend désigner les acides nucléiques ou les protéines présentant, par rapport à la séquence de référence, certaines modifications comme en particulier une délétion, une troncation, un allongement, une fusion chimérique, et/ou une substitution, notamment ponctuelle, et

dont la séquence en nucléotides présente au moins 80 % d'identité et la séquence en acides aminés présente au moins 65 % d'identité après alignement optimal avec la séquence en nucléotides ou en acides aminés de référence.

5 Par "pourcentage d'identité" entre deux séquences (acides nucléiques ou protéines), on entend désigner un pourcentage de nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux séquences à comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur toute leur longueur.

10 Par "meilleur alignement" ou "alignement optimal", on entend désigner l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité déterminé comme décrit ci-après est le plus élevé. Les comparaisons entre deux séquences de nucléotides ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées : en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par "fenêtre de comparaison" pour identifier et comparer les régions locales de simi-
15 lité de séquence. L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, notamment à l'aide de l'un des algorithmes suivants : l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981), l'algorithme d'homologie locale de Needleman et Wunsch (1970), la méthode de recherche de similarité de Pearson et Lipman (1988), les logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, BLAST P, BLAST
20 N, BLASTX, TBLASTX, FASTA et TFASTA dans le Wisconsin Genetics Software Package, (Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI) ou sur les serveurs internet, en particulier ceux du *National Center for Biotechnology Information* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), de l'EMBL (<http://www.embl.org>) et du projet Ensembl (<http://www.ensembl.org>)).

25 Afin d'obtenir l'alignement optimal, on utilise de préférence le programme BLAST, avec la matrice BLOSUM 62. On peut également utiliser les matrices PAM ou PAM250, ainsi qu'une matrice d'identité pour les séquences de nucléotides.

30 Pour obtenir une "hybridation spécifique" on utilise de préférence des conditions d'hybridation de forte stringence, c'est-à-dire des conditions de température et de force ionique choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation spécifique et sélective entre polynucléotides complémentaires.

A titre d'illustration, des conditions de forte stringence de l'étape d'hybridation aux fins de définir les polynucléotides décrits ci-dessus, sont avantageusement les suivantes : l'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation proprement dite pendant 20 heures à une température dépendant de la taille de la sonde (i.e. : 42°C, pour une sonde de taille supérieure à 100 nucléotides) suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C pour une sonde de taille supérieure à 100 nucléotides. Les conditions d'hybridation de forte stringence décrites ci-dessus pour une sonde de taille définie peuvent être adaptées par l'Homme du Métier pour des sondes de taille plus grande ou plus petite.

Par "techniques ou méthodes appropriées" on entend ici se référer aux techniques ou méthodes bien connues et classiquement utilisées par l'Homme du Métier et exposées dans de nombreux ouvrages, comme en particulier celui intitulé Molecular Cloning. A Laboratory Manual (Sambrook J, Russell DW. (2000) Cold Spring Harbor Laboratory Press) [13].

Le polynucléotide tel que défini en c) présente un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec une séquence telle que définie en a) ou b), de préférence 90 %, de façon plus préférée 95 %, de façon encore plus préférée 98 %. Le polynucléotide tel que défini en c) inclut les polynucléotides variants de la séquence SEQ ID NO:1, c'est-à-dire l'ensemble des polynucléotides correspondants à des variants alléliques, c'est-à-dire à des variations individuelles de la séquence SEQ ID NO:1. Ces séquences variantes naturelles correspondent à des polymorphismes présents chez les mammifères, en particulier chez l'être humain et, notamment à des polymorphismes pouvant conduire à la survenue d'une pathologie, comme par exemple la mort cellulaire des îlots de Langerhans et un diabète.

On entend également désigner par polynucléotide variant, tout ARN ou ADNc résultant d'une mutation et/ou d'une variation d'un site d'épissage de la

séquence génomique dont l'ARNm a comme ADN complémentaire le polynucléotide de séquence SEQ ID NO:1.

La similarité d'une protéine par rapport à une protéine de référence s'apprécie en fonction du pourcentage de résidus d'acides aminés qui sont identiques ou qui diffèrent par des substitutions conservatives, lorsque les deux séquences sont alignées de manière à obtenir le maximum de correspondance entre elles. Au sens de la présente Invention, on entend par substitution conservative, la substitution d'un acide aminé par un autre qui présente des propriétés chimiques similaires (taille, charge ou polarité), qui généralement ne modifie pas les propriétés fonctionnelles de la protéine.

Une protéine ayant une séquence en acides aminés ayant au moins X % de similarité avec une séquence de référence est définie, dans la présente Invention comme une protéine dont la séquence peut inclure jusqu'à 100-X altérations non-conservatives pour 100 acides aminés de la séquence de référence. Au sens de la présente Invention, le terme altérations non-conservatives inclut les délétions, les substitutions non-conservatives ou les insertions consécutives ou dispersées d'acides aminés dans la séquence de référence.

Sont incluses dans les protéines telles que définies en (g) les protéines variantes de la séquence SEQ ID NO:2, c'est-à-dire les protéines variantes codées par les polynucléotides variants tels que précédemment définis, en particulier les protéines dont la séquence en acides aminés présente au moins une mutation correspondant notamment à une troncation, une délétion, une substitution et/ou une addition d'au moins un résidu d'acide aminé par rapport à la séquence SEQ ID NO:2.

De manière préférée, les protéines variantes présentent une mutation associée au diabète ou à l'hyperinsulinisme.

Selon un mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, ledit polynucléotide isolé tel que défini en (c), est un polynucléotide variant de la séquence SEQ ID NO:1 comportant une mutation qui conduit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine codée par la séquence SEQ ID NO:1.

Selon un autre mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, lesdits polynucléotides isolés tel que définis en (b) ou en (d) sont choisis parmi la paires d'amorces SEQ ID NO:3 et SEQ ID NO:4 et la paire d'amorce

SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO:6.

Selon encore un autre mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, ledit polynucléotide isolé est susceptible d'être obtenu par amplification à l'aide de la paire d'amorces telle que définie ci-dessus.

5 Selon encore un autre mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, ledit polynucléotide tel que défini en (d) est un petit ARN interférent (siRNA) qui par interaction avec les ARNm correspondants audit polynucléotide, conduira à leur dégradation.

10 Selon encore un autre mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, ladite protéine telle que définie en (g) est un variant de la séquence SEQ ID NO:2 présentant une mutation associée au diabète ou à l'hyperinsulinisme.

Selon encore un autre mode de réalisation avantageux de l'utilisation selon la présente invention, ledit fragment tel que défini en (f) présente une séquence
15 choisie parmi les séquences SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9 et SEQ ID NO:10.

La présente invention a également pour objet un polynucléotide tel que défini ci-dessus, à l'exception :

- des fragments d'au moins 15 nucléotides consécutifs inclus dans les
20 séquences présentant les numéros d'accès dans la base de données NCBI n° AX526723, n° AX526725 et n° AX526727,

- des EST présentant les numéros d'accès dans la base de données GenBank BM565129, BM310003, BM875526, BG655918, BQ417284, BQ267316, BU072134, BQ267526, BQ270198, BU581447, BU070173, BQ631692 et BU949895,
25 ainsi que des séquences présentant les numéros d'accès dans la base de données NCBI AX526723, AX526725 et AX526727.

Les fragments selon l'Invention peuvent notamment être utilisés comme sondes ou comme amorces pour détecter/amplifier des polynucléotides (ARN ou ADN génomique) correspondants au polynucléotide selon l'Invention dans d'autres
30 organismes.

Préférentiellement les paires d'amorces utilisables selon l'Invention sont celles correspondants aux paires définies par les séquences SEQ ID NO:3 et SEQ ID NO:4 et par les séquences SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO:6.

L'Invention a également pour objet les polynucléotides susceptibles
5 d'être obtenus par amplification à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux du polynucléotide selon l'invention, il s'agit d'un petit ARN interférent correspondant au polynucléotide tel que défini ci-dessus, d'une taille inférieure à 30 nucléotides, de préférence d'une taille comprise entre 20 et 23 nucléotides, qui par interaction avec les ARNm correspondants
10 audit polynucléotide, conduira à leur dégradation. Ces siRNA peuvent être obtenus par toute méthode connue de l'Homme du Métier, par exemple par synthèse chimique ou encore par expression à partir d'un vecteur.

L'Invention englobe les oligonucléotides sens correspondants aux polynucléotides de l'Invention qui, par interaction avec des protéines impliquées dans la
15 régulation de l'expression dudit polynucléotide de l'Invention, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

Les sondes et amorces selon l'Invention peuvent être marquées directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'Homme du Métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quanti-
20 fiable.

Le marquage des amorces ou des sondes selon l'Invention est réalisé par des éléments radioactifs ou par des molécules non radioactives. Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le ^{35}S , le ^3H ou l' ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels que la biotine, l'avidine, la
25 streptavidine, la digoxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

Les polynucléotides selon l'Invention peuvent ainsi être utilisés comme amorce et/ou sonde dans des procédés mettant en œuvre notamment la
30 technique de PCR (amplification en chaîne par polymérase) (U.S. N° 4,683,202). D'autres techniques d'amplification de l'acide nucléique cible peuvent être avantageusement employées comme alternative à la PCR. Il existe actuellement de très nombreux

procédés permettant cette amplification, comme par exemple la technique SDA (Strand Displacement Amplification) ou technique d'amplification à déplacement de brin, la technique TAS (Transcription-based Amplification System), la technique 3SR (Self-Sustained Sequence Replication), la technique NASBA (Nucleic Acid Sequence Based Amplification), la technique TMA (Transcription Mediated Amplification), la technique LCR (Ligase Chain Reaction), la technique de RCR (Repair Chain Reaction), la technique CPR (Cycling Probe Reaction), la technique d'amplification à la Q- β -réplicase. On peut encore citer la PCR-SSCP qui permet de détecter des mutations ponctuelles.

10 Ces techniques sont bien entendu parfaitement connues de l'Homme du Métier.

Comme sondes ou comme amorces, les différents polynucléotides de l'Invention permettent, soit de déterminer le profil de transcription du gène correspondant ou une éventuelle altération de ce profil dans un échantillon biologique, soit de
15 mettre en évidence le gène correspondant, des variants alléliques de ce gène ou une éventuelle altération fonctionnelle de ce gène (changement substantiel dans l'activité de la protéine codée par ledit gène) résultant d'une mutation (insertion, délétion ou substitution) d'un ou plusieurs nucléotides au niveau d'au moins un exon dudit gène. De telles mutations incluent en particulier les délétions, les insertions ou les substitutions non-
20 conservatives au niveau de codons correspondant à des résidus d'acides aminés situés dans un domaine essentiel pour l'activité biologique de la protéine.

Ainsi l'Invention a pour objet une méthode de détermination du profil de transcription du gène correspondant au polynucléotide de l'Invention ou d'une altération dudit profil, dans un échantillon biologique, comprenant une première étape
25 d'obtention des ARN totaux à partir de l'échantillon biologique, une deuxième étape de mise en contact desdits ARN avec une sonde marquée constituée d'un polynucléotide selon l'Invention dans des conditions appropriées d'hybridation entre les ARN et la sonde et une troisième étape de révélation par tout moyen approprié des hybrides formés.

30 Selon un mode de mise en œuvre de ladite méthode, la deuxième étape peut être une étape de rétrotranscription et/ou d'amplification des transcrits réalisée à l'aide d'une paire d'amorces telle que décrite précédemment et la troisième étape,

une étape de révélation par tout moyen approprié des acides nucléiques amplifiés formés.

Ladite méthode de détermination du profil de transcription du gène peut en outre comporter une étape d'évaluation du taux de transcription du gène par comparaison avec un échantillon témoin préalablement choisi et éventuellement l'étude de sa corrélation avec un phénotype détectable comme par exemple le taux de proinsuline convertie en insuline mature, le contenu des cellules en insuline, le taux d'insuline sécrétée en réponse à une stimulation par le glucose, la concentration intracellulaire ou intravésiculaire en zinc ou encore la quantité de protéine (produit du gène) exprimée à la surface de la cellule). Ledit échantillon témoin peut être constitué par exemple par un échantillon biologique présentant une transcription normale ou altérée du gène correspondant au polynucléotide de l'Invention auquel ladite méthode de détermination du profil de transcription du gène est appliquée dans les mêmes conditions.

L'Invention a aussi pour objet une méthode de mise en évidence du gène correspondant au polynucléotide de l'Invention ou des variants alléliques dudit gène ou d'une altération fonctionnelle de ce gène, dans un échantillon biologique, comprenant une première étape d'obtention par tout moyen approprié de l'ADN à partir de l'échantillon biologique, une deuxième étape de mise en contact desdits ADN avec une sonde marquée constituée d'un polynucléotide selon l'Invention dans des conditions appropriées d'hybridation spécifique entre les ADN et la sonde et une troisième étape de révélation par tout moyen approprié des hybrides formés.

Selon un mode de mise en œuvre avantageux de ladite méthode la deuxième étape peut être une étape d'amplification réalisée à l'aide d'une paire d'amorces telle que décrite précédemment et la troisième étape, une étape de révélation par tout moyen approprié des acides nucléiques amplifiés formés. La méthode peut éventuellement comporter une quatrième étape d'isolement et de séquençage des acides nucléiques mis en évidence.

Cette dernière méthode peut également permettre d'isoler un allèle du gène correspondant au polynucléotide de l'Invention, associé à un phénotype détectable, comme par exemple une variation de la glycémie post-prandiale, la présence ou non d'une sécrétion d'insuline, le taux de glucose circulant ou d'insuline sécrétée en

réponse à une stimulation par du glucose, et d'une manière générale à une pathologie de type diabète de type I ou II ou encore à une anomalie du métabolisme du zinc. Le zinc excrété au cours de la libération de l'insuline agit sur les canaux potassiques, responsables par l'intermédiaire de canaux calciques de cette exocytose. Il y a donc une
5 boucle de rétrocontrôle [14]. Le polypeptide de l'invention est impliqué dans l'accumulation du zinc dans les vésicules contenant l'insuline, et se retrouve également au cours de l'exocytose sur la membrane plasmique. Des mutants de la protéines pourraient donc modifier soit la quantité de zinc présent dans les vésicules, soit la concentration péri-cellulaire en zinc, et donc modifier l'état d'ouverture du canal potassique, aboutissant
10 suivant l'effet de la mutation à une diminution ou une augmentation de l'excrétion d'insuline (diabète de type I ou hyperinsulinisme). Dans cette méthode particulière, l'échantillon biologique sera un échantillon provenant d'un individu exprimant ledit phénotype détectable.

Ces méthodes, particulièrement celles basées sur la recherche de
15 mutations dans le gène, peuvent permettre la mise en évidence de façon préventive d'une prédisposition au diabète, ou le diagnostic du diabète ou de toute maladie liée au diabète, ou l'adaptation en terme de molécule ou de posologie du ou des traitements antidiabétiques.

L'Invention a également pour objet une trousse de réactifs pour la
20 mise en œuvre des méthodes précédemment décrites comprenant :

- a) au moins une sonde ou une paire d'amorces selon l'Invention ;
 - b) les réactifs nécessaires à la mise en oeuvre d'une réaction d'hybridation entre ladite sonde et/ou lesdites amorces et l'acide nucléique de l'échantillon biologique à tester ;
 - 25 c) les réactifs nécessaires à la mise en oeuvre d'une réaction d'amplification ;
 - d) les réactifs nécessaires à la détection et/ou au dosage de l'hybride formé entre ladite sonde et l'acide nucléique de l'échantillon biologique ou des acides nucléiques amplifiés formés.
- 30 Une telle trousse peut également contenir des contrôles positifs ou négatifs afin d'assurer la qualité des résultats obtenus. Elles peuvent également contenir

les réactifs nécessaires à la préparation des acides nucléiques à partir de l'échantillon biologique.

Un autre objet de l'Invention est une puce à ADN comprenant au moins un polynucléotide selon l'Invention.

5 Encore un autre objet de l'Invention est l'utilisation d'un polynucléotide tel que défini ci-dessus pour la préparation d'une puce à ADN. L'Homme du Métier sait en fonction du support sélectionné, choisir la technique de réalisation appropriée pour réaliser une telle puce, comme par exemple par dépôt d'oligonucléotides sur support de verre ou de nylon, soit par greffage chimique ou électrochimique d'oligo-
10 nucléotides.

Le polynucléotide de l'Invention peut être utilisé *in vitro*, comme moyen d'étude :

a) de la surexpression du transporteur (ZnT-8) dans des lignées de cellules modèles (insulinome de rat INS-1 par exemple) et de l'impact sur la sécrétion
15 de l'insuline en réponse à une stimulation par le glucose ;

b) de la sensibilité des cellules à la mort cellulaire (apoptose) induite par des conditions de stress oxydant ou de concentration faible ou forte en zinc ;

c) des étapes de différenciation de cellules souches en cellules sécrétrices d'insuline en réponse à différentes stimulations exogène (facteurs de croissance,
20 extraits pancréatiques).

L'Invention concerne également la protéine codée par le polynucléotide selon l'Invention.

Par "protéine" on entend, au sens de la présente Invention, désigner un enchaînement précis d'acides aminés, modifiés ou non, comportant ou non des
25 acides aminés non naturels.

La protéine selon l'Invention est obtenue soit à partir d'une cellule bêta, soit par synthèse chimique, soit par les techniques d'ADN recombinant, notamment à partir de vecteur d'expression comprenant un insert constitué par polynucléotide tel que défini ci-dessus.

30 L'Invention concerne aussi l'utilisation d'un polynucléotide tel que défini ci-dessus, pour la production d'une protéine ZnT-8 telle que définie ci-dessus.

La protéine selon la présente Invention lorsqu'elle est obtenue par

synthèse chimique, peut être obtenue par l'une des nombreuses voies de synthèses peptidiques connues, par exemple les techniques mettant en oeuvre des phases solides ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique. Dans ce cas la séquence de la protéine peut
5 être modifiée afin d'améliorer sa solubilité, en particulier dans les solvants aqueux. De telles modifications sont connues de l'Homme du Métier comme par exemple la délétion de domaines hydrophobes ou la substitution d'acides aminés hydrophobes par des acides aminés hydrophiles.

De préférence, une protéine selon l'Invention est une protéine
10 comprenant ou présentant la séquence SEQ ID NO:2 (correspondant à la protéine codée par le gène *ZnT-8*).

L'invention a également pour objet un fragment de la protéine telle que définie ci-dessus, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9 et SEQ ID NO:10.

15 Un autre objet de l'Invention est une puce à protéine comprenant une protéine ou un fragment de protéine tels que définis ci-dessus.

Encore un autre objet de l'Invention est l'utilisation d'une protéine ou d'un fragment de protéine tels que définis ci-dessus, pour la préparation d'une puce à protéine. Comme pour les puces à ADN, l'Homme du Métier sait en fonction du
20 support choisi, choisir la technique de réalisation appropriée pour réaliser une telle puce.

La protéine, le fragment de protéine ou la puce à protéine tels que définis ci-dessus peuvent être utilisées pour détecter la présence d'anticorps dirigés contre lesdites protéines, dans le sérum d'un individu.

25 L'Invention concerne aussi l'utilisation de la protéine ou du fragment de protéine tel que définis ci-dessus, pour des mesures par des méthodes immuno-chimiques et immunoenzymatiques, ainsi que la recherche d'auto-anticorps dirigés contre la protéine selon l'Invention.

L'Invention a également pour objet un vecteur de clonage et/ou
30 d'expression dans lequel est inséré le polynucléotide de l'Invention.

Un tel vecteur peut contenir les éléments nécessaires à l'expression et éventuellement à la sécrétion de la protéine dans une cellule hôte.

Lesdits vecteurs comportent de préférence : un promoteur, des signaux d'initiation et de terminaison de la traduction, ainsi que des régions appropriées de régulation de la transcription. Ils doivent pouvoir être maintenus de façon stable dans la cellule et peuvent éventuellement comprendre des séquences codant pour des signaux particuliers spécifiant la sécrétion de la protéine traduite tels que par exemple un promoteur fort de nature ubiquitaire, ou un promoteur sélectif d'un type de cellule et/ou de tissu particulier, comme par exemple le pancréas. Ces différentes séquences de contrôle sont choisies en fonction de l'hôte cellulaire utilisé.

Le polynucléotide selon l'invention peut être inséré dans des vecteurs à réplique autonome au sein de l'hôte choisi ou des vecteurs intégratifs de l'hôte choisi.

Parmi les systèmes à réplique autonome, on utilise de préférence en fonction de la cellule hôte, des systèmes de type plasmidique ou viral. Les vecteurs viraux peuvent notamment être des adénovirus, des rétrovirus, des lentivirus, des poxvirus ou des virus herpétiques. L'Homme du Métier connaît les technologies utilisables pour chacun de ces systèmes.

Lorsque l'on souhaite l'intégration de la séquence dans les chromosomes de la cellule hôte, on peut utiliser par exemple des systèmes de type plasmidique ou viral; de tels virus sont, par exemple, les rétrovirus, ou les virus associés aux adénovirus (Adeno-associated virus ou AAV).

Parmi les vecteurs non viraux, on préfère les polynucléotides nus tels que l'ADN ou l'ARN nu, les chromosomes artificiels de bactérie (BAC, bacterial artificial chromosome), les chromosomes artificiels de levure (YAC, yeast artificial chromosome) pour l'expression dans la levure, les chromosomes artificiels de souris (MAC, mouse artificial chromosome) pour l'expression dans les cellules murines et de manière préférée les chromosomes artificiels d'homme (HAC, human artificial chromosome) pour l'expression dans les cellules humaines.

De tels vecteurs sont préparés selon les méthodes couramment utilisées par l'Homme du Métier, et les vecteurs recombinants en résultant peuvent être introduits dans l'hôte approprié par des méthodes standards, telles que par exemple la lipofection, l'électroporation, le choc thermique, la transformation après perméabilisation chimique de la membrane, la fusion cellulaire.

L'Invention a aussi pour objet les cellules hôtes modifiées, notamment les cellules eucaryotes et procaryotes, dans lesquelles au moins un polynucléotide selon l'Invention ou au moins un vecteur selon l'Invention a été introduit.

5 Parmi les cellules utilisables aux sens de la présente Invention, on peut citer les cellules bactériennes, les cellules de levure, les cellules animales, en particulier les cellules de mammifères ou encore les cellules végétales. On peut citer également les cellules d'insectes dans lesquelles on peut utiliser des procédés mettant par exemple en oeuvre des baculovirus.

10 L'Invention a également pour objet les organismes non-humains transgéniques tels que les animaux ou les végétaux transgéniques, dont tout ou partie des cellules contient le polynucléotide selon l'Invention ou le vecteur de l'Invention, sous une forme libre ou intégrée.

De préférence selon l'Invention, les organismes non-humains transgéniques sont ceux porteurs de cellules contenant un polynucléotide selon l'Invention
15 non fonctionnel ou porteur d'une mutation.

Selon l'Invention les animaux transgéniques sont de préférence des mammifères, plus préférentiellement les rongeurs, en particulier les souris, les rats ou les lapins et les suidés, en particulier le porc.

20 Les animaux transgéniques peuvent être obtenus par toute méthode classique connue de l'Homme du Métier, comme par exemple par recombinaison homologue dans cellules souches embryonnaires, transfert de ces cellules souches à des embryons, sélection des chimères affectées au niveau des lignées reproductrices, et croissance desdites chimères.

25 Les cellules, animaux ou végétaux transgéniques selon l'Invention peuvent ainsi exprimer ou surexprimer le gène codant pour la protéine selon l'Invention ou leur gène homologue ou exprimer ledit gène dans lequel est introduite une mutation.

Les animaux transgéniques peuvent être utilisés par exemple en temps que modèles pour l'étude de l'étiologie des diabètes.

30 Les organismes transgéniques selon l'Invention peuvent être utilisés pour la production de la protéine selon l'Invention.

La protéine selon l'Invention peut être purifiée selon les techniques connues de l'Homme du Métier. Ainsi, la protéine peut être purifiée à partir de lysats et

extraits cellulaires, du surnageant du milieu de culture, par des méthodes utilisées individuellement ou en combinaison, telles que le fractionnement, les méthodes de chromatographie, les techniques d'immunoaffinité à l'aide d'anticorps monoclonaux ou polyclonaux spécifiques, etc.. De préférence la protéine selon l'Invention est purifiée
5 selon une méthode comprenant une première étape de séparation des protéines membranaires par centrifugation suivie d'une deuxième étape de purification par immunoaffinité selon la méthode décrite par T.C. Thomas, M.G. McNamee, (Purification of membrane proteins. Section IX, pp 499-520, *in* Methods in Enzymology, Guide to Protein Purification, Edité par M.P. Deutscher, vol 182, Academic press, New-York,
10 1990").

L'Invention a également pour objet une méthode de préparation de la protéine ZnT-8 recombinante, caractérisée en ce qu'elle comprend la culture des modifiées de la présente Invention, notamment les cellules de mammifères ou des cellules issues des organismes non-humains transgéniques selon l'Invention, dans des condi-
15 tions permettant l'expression de ladite protéine, et la purification de ladite protéine recombinante.

L'Invention a également pour objet une protéine, caractérisée en ce qu'elle est susceptible d'être obtenue par l'une quelconque des méthodes de préparation ci-dessus décrites.

20 La protéine obtenue comme indiqué ci-dessus, peut aussi bien se présenter sous forme glycosylée que non glycosylée et peut présenter ou non la structure tertiaire de la protéine naturelle.

Les Inventeurs ont également pu montrer, par une étude du potentiel transmembranaire, que la structure secondaire de la protéine de l'Invention présente 3
25 boucles d'acides aminés extracellulaires (acides aminés 96-106, 164-176, 241-245) contre lesquelles peuvent être produits des anticorps monoclonaux ou polyclonaux.

L'Invention a ainsi également pour objet des anticorps mono- ou polyclonaux, caractérisés en ce qu'ils sont capables de reconnaître spécifiquement une protéine selon l'Invention.

30 De préférence, les anticorps reconnaissent spécifiquement la protéine de séquence SEQ ID NO:2, ses fragments ou les variants de ladite protéine tels que définis ci-dessus.

De manière préférée, les anticorps selon l'Invention reconnaissent spécifiquement les boucles extracellulaires de la protéine selon l'Invention correspondant aux SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8 et SEQ ID NO:10 (PEP1, PEP2 et PEP4) et/ou une boucle intracellulaire de la protéine selon l'Invention correspondant à la SEQ
5 ID NO:9 (PEP3).

Les anticorps selon l'Invention sont, par exemple, des anticorps chimériques, des anticorps humanisés, des fragments Fab ou F(ab')₂. Ils peuvent également se présenter sous forme d'immunoconjugués ou d'anticorps marqués afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

10 Lesdits anticorps peuvent être obtenus directement à partir de sérum humain, ou à partir de sérum d'animaux immunisés avec les protéines selon l'Invention, notamment celles produites par recombinaison génétique ou par synthèse peptidique.

Les anticorps polyclonaux spécifiques peuvent être obtenus selon les modes opératoires usuels. Les anticorps monoclonaux spécifiques peuvent être obtenus
15 selon la méthode classique de culture d'hybridomes.

Un autre objet de l'Invention est une puce à protéine comprenant au moins un anticorps selon l'Invention.

L'Invention concerne aussi l'utilisation d'un anticorps selon l'Invention pour la préparation d'une puce à protéine comprenant ledit anticorps.
20 L'Homme du Métier sait en fonction du support choisi, choisir la technique de réalisation appropriée pour réaliser une telle puce.

L'Invention a également pour objet l'utilisation des anticorps ou d'une puce à anticorps selon l'Invention pour la détection et/ou la purification d'une protéine selon l'Invention, de préférence des boucles extracellulaires ou intracellulaires de ladite
25 protéine, de manière préférée des séquences correspondant aux SEQ ID NO:7 à SEQ ID NO:10.

De manière générale, les anticorps de l'Invention peuvent être avantageusement utilisés dans toute situation où l'expression d'une protéine selon l'Invention, normale ou mutée, doit être observée.

30 Particulièrement, les anticorps monoclonaux, peuvent être utilisés pour la détection de ces protéines dans un échantillon biologique. Ils constituent ainsi un moyen d'analyse immunocytochimique ou immunohistochimique de l'expression des

protéines selon l'Invention, notamment la protéine de séquence SEQ ID NO:2 ou l'une de ses variantes, sur des coupes de tissus spécifiques. Généralement pour de telles analyses les anticorps utilisés sont marqués afin d'être détectables par exemple par des composés immunofluorescents, par marquage à l'or ou sous forme d'immunoconjugués enzymatiques.

Ils peuvent permettre notamment de mettre en évidence une expression anormale de ces protéines dans les tissus ou prélèvements biologiques.

L'Invention a également pour objet une méthode de détection dans un échantillon biologique de la protéine ZnT-8, comprenant une première étape de mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'Invention et une deuxième étape de mise en évidence par tout moyen approprié du complexe antigène-anticorps formé.

L'Invention a également pour objet une trousse permettant de mettre en œuvre le procédé ci-dessus décrit comprenant :

- a) au moins un anticorps monoclonal ou polyclonal selon l'Invention ;
- b) les réactifs permettant la détection du complexe antigène-anticorps produit lors de la réaction immunologique.

Selon un mode de réalisation particulier de l'Invention, la trousse peut éventuellement comprendre des réactifs pour la constitution d'un milieu permettant la réaction immunologique.

Les anticorps selon l'Invention peuvent également être utilisés pour la détection et/ou le tri des îlots de Langerhans, préférentiellement des cellules bêta, à partir de pancréas humain ou animal, notamment le pancréas de souris, rat, lapin et de porc. Ce tri peut être réalisé par un appareillage de cytométrie en flux (FACS) pour ce qui concerne les cellules isolées. Pour les îlots, leur marquage pourrait améliorer les méthodes de séparation actuelle : séparation par gradient de densité avec du Ficoll, de l'Euro-Ficoll ou du Ficoll-Diatrizoate de sodium ou la méthode de choix qui est un gradient d'albumine sur un séparateur de cellules.

Ainsi, l'Invention a pour objet une méthode de sélection des cellules bêta des îlots de Langerhans, comprenant une première étape de mise en contact des cellules d'un échantillon biologique susceptible de contenir de tels îlots et/ou cellules avec un anticorps selon l'Invention, une deuxième étape de mise en évidence par tout

moyen approprié des cellules marquées par l'anticorps et une troisième étape d'isolement par tout moyen approprié des cellules marquées.

Les anticorps selon l'Invention peuvent également être utilisés pour suivre le processus de différenciation de cellules souches en cellules bêta des îlots de Langerhans, particulièrement humaines ou animales, ainsi que de trier ces cellules exprimant la protéine ZnT-8, particulièrement la protéine de séquence SEQ ID NO:2 après différenciation.

Ainsi, l'Invention a pour objet une méthode pour suivre le processus de différenciation de cellules souches en cellules d'îlot pancréatique ou en cellules bêta, comprenant une étape de mise en contact des cellules d'un échantillon biologique susceptible de contenir lesdites cellules souches en cours de différenciation avec un anticorps selon l'Invention, une deuxième étape de mise en évidence par tout moyen approprié des cellules marquées par l'anticorps et une troisième étape de visualisation par tout moyen approprié des cellules marquées.

Ladite méthode peut en outre comprendre une étape supplémentaire d'isolement par tout moyen approprié des cellules marquées.

Le polynucléotide, la cellule, l'organisme transgénique ou la puce à ADN selon l'Invention peuvent être utilisés pour le criblage de composés chimiques ou biochimiques pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo*, directement ou indirectement, avec le polynucléotide selon l'Invention et/ou moduler l'expression dudit polynucléotide.

Ainsi, l'Invention a pour objet une méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo*, directement ou indirectement avec le polynucléotide selon l'Invention caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec le polynucléotide, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à ADN selon l'Invention, et une deuxième étape de détection du complexe formé entre le composé chimique ou biochimique candidat et le polynucléotide, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à ADN selon l'Invention.

L'Invention a aussi pour objet une méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant moduler *in vitro* ou *in vivo*, directement ou indirectement, l'expression du polynucléotide selon l'Invention, caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou

biochimique candidat avec le polynucléotide, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à ADN selon l'Invention, et une deuxième étape de mesure par tout moyen approprié de l'expression dudit polynucléotide.

La protéine, la cellule, l'organisme transgénique ou la puce à protéine
5 selon l'Invention peuvent être utilisés pour le criblage de composés chimiques ou biochimiques pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo*, directement ou indirectement, avec la protéine selon l'Invention, et/ou qui peuvent moduler l'expression ou l'activité de ladite protéine.

Ainsi, l'Invention a pour objet une méthode de criblage d'un composé
10 chimique ou biochimique pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement, avec la protéine selon l'Invention, caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec la protéine, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à protéine selon l'Invention, une deuxième étape de détection du complexe formé entre le
15 composé chimique ou biochimique candidat et la protéine, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à protéine selon l'Invention.

L'Invention a aussi pour objet une méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant moduler *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement, l'expression et/ou l'activité de la protéine selon l'Invention, caractérisée en ce
20 qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec la protéine, la cellule, l'organisme non-humain transgénique ou la puce à protéine selon l'Invention, et une deuxième étape de mesure par tout moyen approprié de l'expression et/ou de l'activité de ladite protéine.

L'Invention a également pour objet le polynucléotide, la protéine, les
25 anticorps, les vecteurs ou les cellules transformées, selon l'Invention, comme médicaments.

Le polynucléotide, la protéine, les anticorps, les vecteurs ou les cellules transformées, selon l'Invention, peuvent être utilisés dans la préparation d'un médicament destiné à la prévention et/ou au traitement du diabète, particulièrement
30 celui associé à la présence d'au moins une mutation du gène correspondant à SEQ ID NO:1, et/ou à une expression anormale de la protéine correspondant à SEQ ID NO:2, ou destiné à la prévention et/ou au traitement des hyperinsulinismes lorsque l'on

observe une expression, une maturation ou une sécrétion anormale du gène de l'insuline, ou destiné à réguler la maturation et la sécrétion de l'insuline dans les cellules bêta et ou dans des cellules modifiées en vue d'une sécrétion d'insuline ou destiné à réguler les phénomènes d'apoptose des cellules bêta.

5 Une expression anormale signifie une surexpression, une sous-expression ou l'expression d'une protéine mutée. Une maturation anormale signifie une protéolyse absente ou insuffisante de la pro-insuline en insuline ou une co-cristallisation absente, insuffisante ou trop importante de l'insuline et du zinc dans les vésicules de sécrétion intracellulaires.

10 L'Invention a également pour objet l'utilisation d'un polynucléotide, d'une protéine ou d'un anticorps selon l'Invention pour déterminer une variabilité allélique, une mutation, une délétion, une perte d'hétérozygotie ou toute anomalie génétique du gène codant pour la protéine selon l'Invention. On peut détecter les mutations dans la séquence du gène *ZnT-8* directement par analyse de l'acide nucléique et
15 des séquences selon l'Invention (ADN génomique, ARN, ou ADNc), mais également par l'intermédiaire de la protéine selon l'Invention. En particulier, l'utilisation d'un anticorps selon l'Invention qui reconnaît un épitope portant une mutation permet de différencier une protéine "saine" d'une protéine "associée à une pathologie".

L'Homme du Métier sait également mettre en oeuvre des techniques
20 permettant l'étude de l'altération de l'expression d'un gène, par exemple par analyse de l'ARNm, en particulier par Northern Blot ou par RT-PCR avec des sondes ou des amorces selon l'Invention, ou bien par analyse de la protéine exprimée, en particulier par Western Blot, en utilisant des anticorps selon l'Invention.

Outre les dispositions qui précèdent, l'Invention comprend encore
25 d'autres dispositions qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre de l'Invention ainsi qu'aux dessins annexés, dans lesquels :

- la figure 1 illustre l'analyse par RT-PCR de l'expression tissulaire de l'ARN messager codant pour la protéine *ZnT-8* (A), par comparaison avec l'expression du messager ubiquitaire de l'actine (B). 1 : Cerveau, 2 : Cœur, 3 : Rein, 4 :
30 Rate, 5 : Foie, 6 : Colon, 7 : Poumon, 8 : intestin grêle, 9 : Muscle, 10 : Estomac, 11 : Testicule, 12 : Placenta, 13 : Glandes salivaires, 14 : Thyroïde, 15 : Glandes surrénales, 16 : Pancréas, 17 : Ovaires, 18 : Utérus, 19 : Prostate, 20 : Peau, 21 : Leucocytes, 22 :

Moelle osseuse, 23 : Cerveau fœtal, 24 : Foie fœtal. L'expression dudit ARNm est détecté uniquement dans le pancréas (piste 16).

- la figure 2 illustre l'analyse par RT-PCR de l'expression de l'ARN messager codant pour la protéine ZnT-8, dans : une lignée d'insulinome de rat (INS-1, piste 1), des îlots pancréatiques humains fœtaux (piste 2) et adultes (piste 3), par comparaison avec une lignée de cellules épithéliales (lignée Hela). L'ARNm est détecté dans la lignée d'insulinome de rat et les îlots pancréatiques adultes et fœtaux, alors qu'aucun transcrit n'est détecté dans les cellules épithéliales (lignée Hela). Le messager de l'actine est utilisé comme contrôle.

- la figure 3 illustre l'analyse en microscopie à fluorescence, de la localisation de la protéine de fusion ZnT-8-GFP dans des cellules épithéliales (lignée hela) transfectées. La fluorescence est localisée dans les vésicules intracytoplasmiques, ainsi qu'au niveau de la membrane plasmique.

- la figure 4 illustre l'analyse en microscopie à fluorescence, de la localisation de la protéine de fusion ZnT-8-GFP dans des cellules d'insulinome de rat (lignée INS-1) transfectées. La fluorescence est localisée dans les vésicules de sécrétion indiquant un rôle de Znt-8 dans la maturation et l'exocytose de l'insuline.

Les exemples suivants sont illustratifs de l'invention et ne la limitent aucunement.

EXEMPLE 1 : Clonage de l'ADNc codant pour la protéine Znt-8

Le gène codant pour la protéine Znt-8, dénommé gène *Znt-8*, a été identifié par bioinformatique, par recherche de gènes homologues à ceux de la famille *ZnT*, en utilisant les séquences du génome humain disponibles. L'analyse des séquences génomiques a permis de localiser et de définir l'organisation intron/exon du gène *Znt-8*.

L'ADNc codant pour ZnT-8 a été amplifiée par RT-PCR à partir d'ARNm d'îlots de pancréas humains préparés selon la technique donnée dans Kenmochi T. et al. (*Pancreas*, 2000, 20, 2, 184-90), à l'aide de la paire d'amorces (SEQ ID NO:5 : 5'-ACTCTAGAATGGAGTTTCTTGAAAGAACGT A et SEQ ID NO:6 : 5'-AATCTA GAGTCACAGGGGTCTTCACAGA.), définies à partir de la séquence du gène *Znt-8*.

De manière plus précise, les ARN totaux ont été extraits à partir des îlots, en utilisant le kit "RNA extraction kit" (Roche) selon les instructions du fabricant.

Les ARN ainsi obtenus ont été dosés par mesure de l'absorbance à 250 nm et conservés à -80°C.

L'amplification a été réalisée en utilisant le kit "Titan one tube RT-PCR kit" (Roche) selon les instruction du fabricant, et la paire d'amorces SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO:6. La transcription inverse a été réalisée à 52°C pendant 30 min puis les ADNc synthétisés ont été amplifiés par 30 cycles (30 s à 94°C, 30 s à 53°C, 1 min à 72°C) et une élongation finale de 5 min à 72°C. Les produits d'amplification ont été séparés par électrophorèse en gel d'agarose (1,5 %) en présence de bromure d'éthidium et le produit d'amplification de 1123 paires de bases comprenant la séquence d'ADNc présentant la séquence SEQ ID NO:1 a été purifié à l'aide du kit Nucleic acid purification kit (QIAGEN), en suivant les instructions du fabricant.

EXEMPLE 2 : Analyse de l'expression tissulaire de l'ARN messager codant pour la protéine Znt-8

L'expression de l'ARN messager codant pour la protéine Znt-8 a été analysée par PCR sur des ADNc commerciaux préparés à partir de différents tissus humains en utilisant les amorces suivantes : SEQ ID NO:3 : 5'-GAT GCT GCC CAC CTC TTA ATT GAC et SEQ ID NO:4 : 5'-TCA TCT TTT CCA TCC TGG TCT TGG. Les amorces (SEQ ID NO:3 et SEQ ID NO:4) ont été choisies dans 2 exons différents pour éviter l'amplification d'une séquence génomique. Les tissus testés sont : 1 : Cerveau, 2 : Cœur, 3 : Rein, 4 : Rate, 5 : Foie, 6 : Colon, 7 : Poumon, 8 : intestin grêle, 9 : Muscle, 10 : Estomac, 11 : Testicule, 12 : Placenta, 13 : Glande salivaire, 14 : Thyroïde, 15 : Corticosurrénale, 16 : Pancréas, 17 : Ovaire, 18 : Utérus, 19 : Prostate, 20 : Peau, 21 : Leucocytes sanguins, 22 : Moelle osseuse, 23 : Cerveau fœtal, 24 : Foie fœtal.

De manière plus précise : 2 µl d'ADNc ont été mélangés avec les 2 amorces spécifiques (1 µM final) et un mélange classique de PCR (1 unité de Taq DNA polymerase, tampon avec 1,5 mM magnésium, dNTP 10 mM). L'amplification a été réalisée par 30 cycles (30 s à 94°C, 30 s à 53°C, 1 min à 72°C) et une étape finale d'élongation de 5 min à 72°C. Les produits ont ensuite été analysés par électrophorèse en gel d'agarose (1,5 %) en présence de bromure d'éthidium.

Les résultats illustrés par la figure 1 montrent que par comparaison avec le messager de l'actine utilisé comme contrôle (figure 1B), l'ARNm correspondant

au polynucléotide de l'Invention est exprimé uniquement dans les cellules de pancréas (piste 16 de la figure 1A) mais pas dans les cellules des 23 autres tissus analysés (Pistes 1 à 15 et 17 à 24 de la figure 1A).

EXEMPLE 3 : Expression de l'ARN messager correspondant au polynucléotide de l'Invention dans des cellules de pancréas fœtal et adulte et dans une lignée d'insulinome de rat (INS-1)

L'analyse de l'expression de l'ARN messager codant pour la protéine ZnT-8 a été réalisée par RT-PCR, à partir d'ARN de différents tissus humains : îlots pancréatiques humains adultes et fœtaux, lignée d'insulinome de rat (INS-1 ; Asfari M. et al., *Endocrinology*, 1992, 130, 1, 167-78), par comparaison avec une lignée de cellules épithéliales humaines (Hela), utilisée comme contrôle. 10⁶ cellules sont lavées deux fois avec du tampon phosphate (PBS) puis centrifugées 3 min à 2000 g. Les ARN totaux sont extraits comme décrit à l'exemple 1 et la concentration en ARN est ajustée à 1 ng/μl pour ZnT-8 ou 1 pg/μl pour le contrôle β-actine. Les transcrits sont amplifiés puis les produits d'amplification sont analysés, comme décrit à l'exemple 2.

Les résultats illustrés par la figure 2, montrent que l'ARNm codant pour la protéine ZnT-8 est exprimé dans les cellules des îlots pancréatiques humains fœtaux et adultes et dans une lignée d'insulinome de rat (INS-1) mais pas dans une lignée de cellules épithéliales (lignée Hela).

EXEMPLE 4 : Expression d'une protéine de fusion ZnT-8/GFP

La protéine est la protéine humaine, codée par l'ADNc correspondant à la séquence SEQ ID NO:1 (ZnT-8). Le produit PCR de 1123 paires de bases obtenu selon l'exemple 1 a été digéré avec l'enzyme de restriction *XbaI*, puis cloné dans le vecteur pcDNA3.1-CT-GFP (Invitrogen), pour donner le vecteur dénommé pZnT-8-GFP qui a été vérifié par séquençage.

Le vecteur pZnT-8-GFP a été transfecté de façon transitoire dans une lignée de cellules épithéliales (Hela) et de façon stable dans une lignée d'insulinome de rat (INS-1).

Les cellules épithéliales HeLa (ATCC numéro CCL-2) sont cultivées dans le milieu Opti-MEM (Modified Eagle's Medium, Life Technologies) supplémenté avec 5 % de sérum de veau décomplémenté et 2 mM de glutamine. Les cellules sont incubées à 37°C dans une atmosphère humidifiée enrichie à 5 % en CO₂.

Les cellules INS-1 sont cultivées dans du milieu RPMI (Life Technologies) supplémenté avec : sérum de veau fœtal (10 %), 2-Mercaptoéthanol (50 μ M), pyruvate de sodium (1 mM), HEPES (10 mM), L-glutamine (2 mM), penicilline 100 U/mL et streptomycine (100 μ g/ml).

5 Les cellules cultivées dans des boîtes de Pétri de 35 mm sont transfectées avec le vecteur pZnT-8-GFP (1 μ g d'ADN pour 10^6 cellules), en utilisant le réactif Exgen500 (Euromedex) selon les instructions du fabricant. Après transfection par le vecteur ZnT-8-GFP, les cellules INS-1 sont sélectionnées, clonées dans le même milieu que précédemment additionné de 400 μ g/mL de G418, puis la fluorescence des clones
10 est observée sous un microscope à fluorescence inversé (Axiovert, Zeiss) en utilisant les paramètres suivants : longueur d'onde d'excitation : 450-490 nm ; longueur d'onde d'émission : 520 nm.

L'expression de la protéine de fusion ZnT-8-GFP dans les cellules Hela est analysée 48 heures après la transfection, par observation de la fluorescence
15 comme précisé ci-dessus pour les clones de cellules INS-1 transfectées de façon stable.

Les résultats illustrés par la figure 3 (lignée Hela) montrent que la protéine ZnT-8 est localisée dans des vésicules intracytoplasmiques, ainsi que sur la membrane plasmique ; cette localisation démontre que la protéine ZnT-8 emprunte la voie d'excrétion extracellulaire et se retrouve à la surface de la cellule.

20 Les résultats illustrés par la figure 4 (lignée INS-1) montrent que la protéine ZnT-8 est localisée dans les vésicules de sécrétion de l'insuline ; cette localisation indique que ZnT-8 est impliquée dans la maturation de l'insuline ; en outre, dans la mesure où cette expérience est réalisée à l'état basal (en l'absence de stimulation par le glucose) la protéine sera également présente sur la membrane plasmique au cours de
25 l'exocytose de l'insuline, après stimulation par le glucose.

EXEMPLE 5 : Analyse de la séquence de la protéine ZnT-8

L'analyse de la séquence primaire de ZnT-8 et la prédiction des domaines transmembranaires ont été réalisées avec les programmes TMPred (http://www.ch.embnet.org/software/TMPRED_form.html) et SOSUI (<http://sosui.proteome.bio.tuat.ac.jp/sosui/menu0.html>).
30

La protéine ZnT-8 complète possède 6 domaines transmembranaires prédits (acides aminés 74-95, 107-126, 141-163, 177-196, 216-240, 246-267), les extrémités N- et C-terminales étant situées dans le cytoplasme.

EXEMPLE 6 : Préparation d'un anticorps polyclonal dirigé contre les boucles extracellulaires (PEP1, PEP2 et PEP4) et contre une boucle intracellulaire (PEP3) de ZnT-8

Les peptides correspondant aux épitopes présentant les séquences SEQ ID NO:7 : PEP1 : HIAGSLAVVTDAAHLL ; SEQ ID NO:8 : PEP2 : CERLLYPDYQIQATV ; SEQ ID NO:9 : PEP3 CLGHNHKEVQANASVR, SEQ ID NO:10 : PEP4 : YFKPEYKIADPIC ont été synthétisés en phase solide, selon la méthode originellement décrite par Merrifield et al. (*J. Am. Chem. Soc.*, 1964, 85: 2149-) (1964), purifiés et conjugués à une protéine porteuse (albumine, par exemple). Les peptides conjugués sont injectés à des lapins selon le protocole d'immunisation suivant :

J0 : première immunisation ; J14 : seconde immunisation ; J28 : Troisième immunisation ; J38 : vérification de la spécificité ; J56 : quatrième immunisation ; J66 et J80 : récupération du sérum. Le sérum, peut être utilisé directement ou après purification sur colonne de protéine A avec une élution en milieu acide. Ces opérations ont été effectuées à façon par la société Eurogentec SA, Belgique.

EXEMPLE 7 : Marquage fluorescent de l'anticorps obtenu à l'exemple 6

L'anticorps est purifié par chromatographie d'affinité sur une colonne de protéine G (Pharmacia). La colonne (1ml), équilibrée avec un tampon phosphate de sodium 10 mM, NaCl 0,15 M, pH 7,4 est chargée avec 5 ml de sérum, puis lavée avec 20 ml du même tampon pour éluer les protéines non fixées. L'anticorps est ensuite décroché avec une solution de glycine, HCl 0,1M, pH 2,5, puis neutralisé par 40µl de tampon Tris HCl 2M, pH 10,0.

2 mg d'anticorps sont dilués dans 1 ml de tampon phosphate pH 8.0. Une solution de NHS-FITC (SIGMA ; 1mg/ml dans DMSO) est préparée extemporanément. 75 µl de la solution NHS-FITC est mélangé avec la solution d'anticorps puis le mélange est incubé à température ambiante pendant 45 minutes. L'anticorps marqué est purifié sur colonne PD-10 (PHARMACIA) de la façon suivante : la colonne est lavée avec 30ml de PBS, chargée avec 1ml de la solution d'anticorps marqué à purifier, puis

avec 5 ml de PBS et des fractions de 2 ml sont ensuite collectés ; la seconde fraction contenant l'anticorps marqué est conservée.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Soria B. : In-vitro differentiation of pancreatic beta-cells.
5 Differentiation 2001 ; 68 : 205-19.
2. Gores PF, Sutherland DE. Pancreatic islet
transplantation : is purification necessary ? Am. J. Surg. 1993 ; 166 : 538-42.
3. Bloc A, Cens T, Cruz H, Dunant Y. Zinc-induced changes
in ionic currents of clonal rat pancreatic-cells : activation of ATP-sensitive K+
10 channels. J. Physiol. 2000 ; 529 Pt 3 : 723-34.
4. Meyer K, Irminger JC, Moss LG, de Vargas LM,
Oberholzer J, Bosco D, et al. : Sorting human beta-cells consequent to targeted
expression of green fluorescent protein. Diabetes 1998 ; 47 : 1974-7.
5. Giordano C, Stassi G, Todaro M, Richiusa P, Giordano
15 M, Mattina A, et al. : Autofluorescence-activated sorting of human single beta
cells and endocrine non-beta cells after enzymatic islet dissociation. Transplant
Proc ; 1994 ; 26 : 651-2.
6. Lukowiak B, Vandewalle B, Riachy R, Kerr-Conte J,
Gmyr V, Belaich S, et al. : Identification and purification of functional human
20 beta-cells by a new specific zinc fluorescent probe. J. Histochem. Cytochem.
2001 ; 49 : 519-28.
7. Shiroi A, Yoshikawa M., Yokota H., Fukui H., Ishizaka
S., Tatsumi K, et al. : Identification of Insulin-Producing Cells Derived from
Embryonic Stem Cells by Zinc-Chelating Dithizone. Stem Cells 2002 ; 20 :
25 284-292.
8. Jiao L, Gray DW, Gohde W, Flynn GJ, Morris PJ. In vitro
staining of islets of Langerhans for fluorescence-activated cell sorting.
Transplantation 1991 ; 52 : 450-2.
9. Kallan AA, Roep BO, Arden SD, Hutton JC, de Vries
30 RR. : Beta-cell reactive T-cell clones from type I diabetes patients are not beta
cell specific and recognize multiple antigens. J. Autoimmun. 1995 ; 8 : 887-99.

10. Zalewski PD, Millard SH, Forbes IJ, Kapaniris O, Slavotinek A, Betts WH et al. : Video image analysis of labile zinc in viable pancreatic islet cells using a specific fluorescent probe for zinc. *J. Histochem. Cytochem.* 1994 ; 42 : 877-84.
- 5 11. Easom RA. Beta-granule transport and exocytosis. *Semin. Cell. Dev. Biol.* 2000 ; 11 : 253-66.
12. Palmiter RD, Findley SD. Cloning and functional characterization of a mammalian zinc transporter that confers resistance to zinc. *Embo J.* 1995 ; 14 : 639-49.
- 10 13. Sambrook J, Russell DW. (2000) *Molecular Cloning. A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press.
14. Bloc A et al, *J Physiol.* 2000, Dec. 15 ; 529 Pt 3 : 723-34)

REVENDICATIONS

1°) Utilisation en tant que marqueur spécifique des cellules bêta des îlots pancréatiques de Langherans d'au moins un polynucléotide isolé ou de la protéine correspondante choisis parmi :

5 - les polynucléotides comprenant ou présentant l'une des séquences suivantes : (a) la séquence SEQ ID NO:1, (b) un fragment de la séquence SEQ ID NO:1 d'au moins 15 nucléotides consécutifs, (c) une séquence présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec l'une des séquences définies en (a) ou en (b) et, (d) une séquence complémentaire, sens ou antisens de l'une des
10 séquences définies en (a), (b) ou (c), et

 - les protéines codées par les polynucléotides tels que définis en (a), (b), (c) ou (d) ci-dessus comprenant ou présentant l'une des séquences suivantes : (e) la séquence SEQ ID NO:2, (f) un fragment de la séquence SEQ ID NO:2 d'au moins 15 acides aminés consécutifs, (g) une séquence présentant un pourcentage d'identité d'au
15 moins 60 % après alignement optimal avec l'une des séquences définies en (e) ou en (f) ou au moins 65 % de similarité, de préférence 80 % d'identité ou au moins 90 % de similarité, ou de manière encore plus préférée 90 % d'identité ou au moins 95 % de similarité.

2°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit
20 polynucléotide isolé tel que défini en c), est un polynucléotide variant de la séquence SEQ ID NO:1 comportant une mutation qui conduit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine codée par la séquence SEQ ID NO:1.

3°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit
polynucléotide isolé tel que défini en b) ou en d) est choisi parmi la paire d'amorces
25 SEQ ID NO:3 et SEQ ID NO:4 et la paire d'amorces SEQ ID NO:5 et SEQ ID NO:6.

4°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit polynucléotide isolé est susceptible d'être obtenu par amplification à l'aide de la paire d'amorces telle que définie à la revendication 3.

5°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit
30 polynucléotide tel que défini en (d) est un petit ARN interférent (siRNA) qui par interaction avec les ARNm correspondants audit polynucléotide, conduira à leur dégradation.

6°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ladite protéine telle que définie en (g) est un variant de la séquence SEQ ID NO:2 présentant une mutation associée au diabète ou à l'hyperinsulinisme.

5 7°) Utilisation selon la revendication 1, caractérisée en ce que ledit fragment tel que défini en (f) présente une séquence choisie parmi les séquences SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9 et SEQ ID NO:10.

8°) Polynucléotide isolé tel que défini à la revendication 1, caractérisé en ce qu'il comprend ou présente une séquence choisie parmi :

(a) la séquence SEQ ID NO:1,

10 (b) un fragment de la séquence SEQ ID NO:1 d'au moins 15 nucléotides consécutifs, à l'exception des fragments d'au moins 15 nucléotides consécutifs inclus dans les séquences présentant les numéros d'accès dans la base de données NCBI n° AX526723, n° AX526725 et n° AX526727,

15 (c) une séquence présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 % après alignement optimal avec l'une des séquences définies en (a) ou en (b), et

(d) une séquence complémentaire, sens ou antisens de l'une des séquences définies en (a), (b), (c) ou (d),

à l'exception des EST présentant les numéros d'accès dans la base de données GenBank BM565129, BM310003, BM875526, BG655918, BQ417284, BQ267316, BU072134, 20 BQ267526, BQ270198, BU581447, BU070173, BQ631692 et BU949895 ainsi que des séquences présentant les numéros d'accès dans la base de données NCBI AX526723, AX526725 et AX526727.

9°) Sonde pour détecter, identifier ou doser des acides nucléiques correspondants aux polynucléotides tels que définis à la revendication 1, caractérisée en 25 ce qu'elle est constituée d'un polynucléotide selon la revendication 8.

10°) Paire d'amorces pour l'amplification d'acides nucléiques correspondants aux polynucléotides tels que définis à la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi les paires d'amorces telles que définies à la revendication 3.

11°) Polynucléotide susceptible d'être obtenu par amplification à 30 l'aide des amorces selon la revendication 10.

12°) Polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un petit ARN interférent correspondant au polynucléotide

tel que défini à la revendication 1, qui par interaction avec les ARNm correspondants audit polynucléotide, conduira à leur dégradation.

13°) Méthode de détermination du profil de transcription du gène correspondant au polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11 ou d'une altération dudit profil, dans un échantillon biologique, comprenant une première étape d'obtention par tout moyen approprié des ARN à partir de l'échantillon biologique, une deuxième étape de mise en contact desdits ARN avec une sonde marquée constituée d'un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 9 ou 11 dans des conditions appropriées d'hybridation entre les ARN et la sonde et une troisième étape de révélation par tout moyen approprié des hybrides formés.

14°) Méthode selon la revendication 13, dans laquelle la deuxième étape est une étape de rétrotranscription et/ou d'amplification des transcrits, réalisée à l'aide d'une paire d'amorces selon la revendication 10 et la troisième étape est une étape de révélation par tout moyen approprié des acides nucléiques amplifiés.

15°) Méthode selon l'une quelconque des revendications 13 ou 14, caractérisée en ce qu'elle comporte en outre une étape d'évaluation du taux de transcription du gène par comparaison avec un témoin préalablement choisi.

16°) Méthode de mise en évidence du gène correspondant au polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11 ou des variants alléliques dudit gène ou d'une altération fonctionnelle de ce gène, dans un échantillon biologique, comprenant une première étape d'obtention par tout moyen approprié de l'ADN à partir de l'échantillon biologique, une deuxième étape de mise en contact desdits ADN avec une sonde marquée constituée d'un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 9 ou 11 dans des conditions appropriées d'hybridation entre les ADN et la sonde et une troisième étape de révélation par tout moyen approprié des hybrides formés.

17°) Méthode selon la revendication 16, dans laquelle la deuxième étape est une étape d'amplification réalisée à l'aide d'une paire d'amorces selon la revendication 10 et la troisième étape est une étape de révélation par tout moyen approprié des acides nucléiques amplifiés formés.

18°) Méthode selon l'une quelconque des revendications 16 ou 17, caractérisée en ce qu'elle comporte en outre une étape d'isolement et de séquençage des

acides nucléiques mis en évidence.

19°) Trousse de réactifs pour la mise en œuvre des méthodes selon l'une quelconque des revendications 13 à 18 comprenant :

3 a) au moins une sonde selon la revendication 9 et/ou une paire d'amorces selon la revendication 10 ;

b) les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation entre ladite sonde et/ou lesdites amorces et l'acide nucléique de l'échantillon biologique ;

10 c) les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'amplification ;

d) les réactifs nécessaires à la détection et/ou au dosage de l'hybride formé entre ladite sonde et l'acide nucléique de l'échantillon biologique ou des acides nucléiques amplifiés formés.

15 20°) Puce à ADN comprenant au moins un polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11.

21°) Utilisation d'un polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11 pour la préparation d'une puce à ADN.

22°) Utilisation *in vitro* du polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12, comme moyen d'étude :

20 a) de la surexpression du transporteur codé par le polynucléotide selon la revendication 8 ou la revendication 11 dans des lignées de cellules modèles et de l'impact sur la sécrétion de l'insuline en réponse à une stimulation par le glucose ;

b) de la sensibilité des cellules à la mort cellulaire (apoptose) induite par des conditions de stress oxydant ou de concentration faible ou forte en zinc ;

25 c) des étapes de différenciation de cellules souches en cellules sécrétrices d'insuline en réponse à différentes stimulations exogène.

23°) Protéine isolée, caractérisée en ce qu'elle est codée par un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11.

30 24°) Protéine selon la revendication 23, caractérisée en ce qu'elle comprend ou présente la séquence SEQ ID NO:2.

25°) Fragment de la protéine selon la revendication 24, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les séquences SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9 et

SEQ ID NO:10.

26°) Puce à protéine comprenant au moins une protéine ou un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25.

5 27°) Utilisation d'une protéine ou d'un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25 pour la préparation d'une puce à protéine.

28°) Utilisation d'une protéine ou d'un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25 ou d'une puce à protéine selon la revendication 26 pour détecter la présence d'anticorps dirigés contre ladite protéine dans le sérum d'un individu.

10 29°) Utilisation d'une protéine selon l'une quelconque des revendications 16 à 18 pour des mesures par des méthodes immunochimiques et immunoenzymatiques, ou pour la recherche d'auto-anticorps dirigés contre ladite protéine.

15 30°) Vecteur de clonage et/ou d'expression, caractérisé en ce qu'il comprend un insert constitué par un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12.

31°) Cellule modifiée par un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12 ou un vecteur selon la revendication 30.

20 32°) Organismes non humains transgéniques, caractérisés en ce que tout ou partie de leurs cellules contient un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12 ou un vecteur selon la revendication 30, sous une forme libre ou intégrée.

25 33°) Utilisation d'une cellule modifiée selon la revendication 31 ou d'un organisme non humain transgénique selon la revendication 32, pour la production d'une protéine ou d'un fragment de protéine tels que définis à l'une quelconque des revendications 23 à 25.

30 34°) Méthode de préparation d'une protéine ou d'un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, caractérisée en ce qu'elle comprend la culture de cellules modifiées selon la revendication 31, notamment de cellules de mammifères, ou de cellules d'organismes non humains transgéniques tels que définis à la revendication 32, dans des conditions permettant l'expression de ladite protéine, et la purification de ladite protéine recombinante.

35°) Anticorps mono- ou polyclonal caractérisé en ce qu'il est capable

de reconnaître spécifiquement une protéine ou un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25.

36°) Puce à protéine comprenant au moins un anticorps selon la revendication 35.

5 37°) Utilisation d'un anticorps selon la revendication 35 pour la préparation d'une puce à protéine.

38°) Utilisation d'un anticorps selon la revendication 35 ou d'une puce selon la revendication 36 pour la détection et/ou la purification d'une protéine ou d'un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25.

10 39°) Procédé de détection d'une protéine ou d'un fragment de protéine quelconque des revendications 23 à 25 dans un échantillon biologique, comprenant une première étape de mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon la revendication 35 et une deuxième étape de mise en évidence par tout moyen approprié du complexe antigène-anticorps formé.

15 40°) Trousse permettant de mettre en œuvre le procédé selon la revendication 39 comprenant :

a) un anticorps monoclonal ou polyclonal selon la revendications 35 ;

b) les réactifs permettant la détection du complexe antigène-anticorps produit lors de la réaction immunologique.

20 41°) Utilisation d'un anticorps selon la revendication 35 pour la détection et/ou le tri des îlots de Langerhans ou bien des cellules bêta.

42°) Utilisation d'un anticorps selon la revendication 35 pour analyser la différenciation de cellules souches en cellules d'îlot pancréatique, préférentiellement en cellules bêta.

25 43°) Méthode de sélection des cellules bêta des îlots de Langerhans, comprenant une première étape de mise en contact des cellules d'un échantillon biologique susceptible de contenir de tels îlots et/ou cellules avec une anticorps selon la revendication 35, une deuxième étape de mise en évidence par tout moyen approprié des cellules marquées par l'anticorps et une troisième étape d'isolement par tout moyen
30 approprié des cellules marquées.

44°) Méthode d'analyse de la différenciation de cellules souches en cellules d'îlot pancréatique ou en cellules bêta, comprenant une étape de mise en

contact des cellules d'un échantillon biologique susceptible de contenir lesdites cellules souches en cours de différenciation avec un anticorps selon la revendication 35, une deuxième étape de mise en évidence par tout moyen approprié des cellules marquées par l'anticorps et une troisième étape de visualisation par tout moyen approprié des
5 cellules marquées.

45°) Méthode selon la revendication 44 comprenant en outre une étape supplémentaire d'isolement par tout moyen approprié des cellules marquées.

46°) Méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement avec le polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11, caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11 ou une cellule selon la revendication 31 ou un organisme non-humain transgénique selon la revendication 32, ou une puce à ADN selon la revendication 20,
10 et une deuxième étape de détection du complexe formé entre le composé chimique ou biochimique candidat et le polynucléotide ou la cellule ou l'organisme non-humain transgénique ou la puce à ADN.

47°) Méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant moduler *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement l'expression du polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11, caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11 ou une cellule selon la revendication 31 ou un organisme non-humain transgénique selon la revendication 32 ou une puce à ADN selon la revendication 20, et
20 une deuxième étape de mesure par tout moyen approprié de l'expression du polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8 ou 11.

48°) Méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant interagir *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement avec la protéine ou le fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, caractérisée en
30 ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec une protéine ou un fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25 ou une cellule selon la revendication 31 ou un

organisme non-humain transgénique selon la revendication 32 ou une puce à protéine selon la revendication 36, et une deuxième étape de détection du complexe formé entre le composé chimique ou biochimique candidat et la protéine ou la cellule ou l'organisme transgénique ou la puce à protéine.

5 49°) Méthode de criblage d'un composé chimique ou biochimique pouvant moduler *in vitro* ou *in vivo* directement ou indirectement l'expression et/ou l'activité de la protéine selon l'une quelconque des revendications 23 ou 24, caractérisée en ce qu'elle comprend une première étape de mise en contact d'un composé chimique ou biochimique candidat avec une protéine ou un fragment de protéine selon l'une
10 quelconque des revendications 23 à 25 ou une cellule selon la revendication 31 ou un organisme non-humain transgénique selon la revendication 32 ou une puce à protéine selon la revendication 36, et une deuxième étape de mesure par tout moyen approprié l'expression et/ou l'activité de ladite protéine.

 50°) Médicament comprenant un produit choisi parmi le polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12, la protéine ou le fragment
15 de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, l'anticorps selon la revendication 35, le vecteur selon la revendication 30 et la cellule modifiée selon la revendication 31.

 51°) Utilisation d'un produit choisi parmi : le polynucléotide selon
20 l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12, la protéine ou le fragment de protéine selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, l'anticorps selon la revendication 35, le vecteur selon la revendication 30, la cellule modifiée selon la revendication 31, pour la préparation d'un médicament destiné à la prévention et/ou au traitement du diabète, particulièrement celui associé à la présence d'au moins une mutation du gène
25 correspondant à la SEQ ID NO:1, et/ou à une expression anormale de la protéine correspondant à la SEQ ID NO:2, ou destiné à la prévention et/ou au traitement des hyperinsulinismes lorsque l'on observe une expression, une maturation ou une sécrétion anormale du gène de l'insuline ou destiné à réguler la maturation et/ou la sécrétion de
30 d'insuline, ou destiné à réguler les phénomènes d'apoptose des cellules bêta.

 52°) Utilisation d'un produit choisi parmi : le polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 8, 11 ou 12, la protéine ou le fragment de protéine

selon l'une quelconque des revendications 23 à 25, l'anticorps selon la revendication 35, pour déterminer une variabilité allélique, une mutation, une délétion, une perte d'hétérozygotie ou toute anomalie du gène codant pour ladite protéine.

1/4

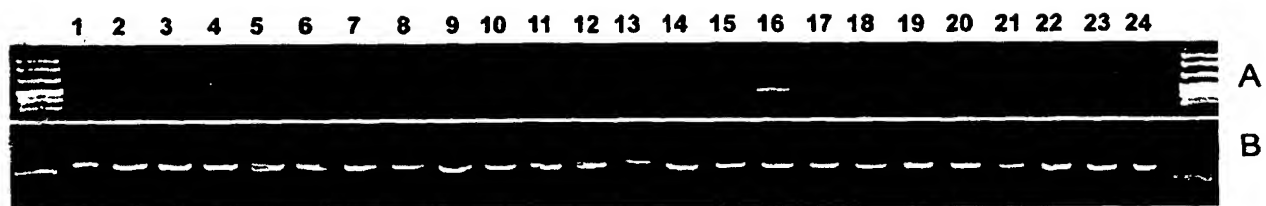


Figure 1

2/4

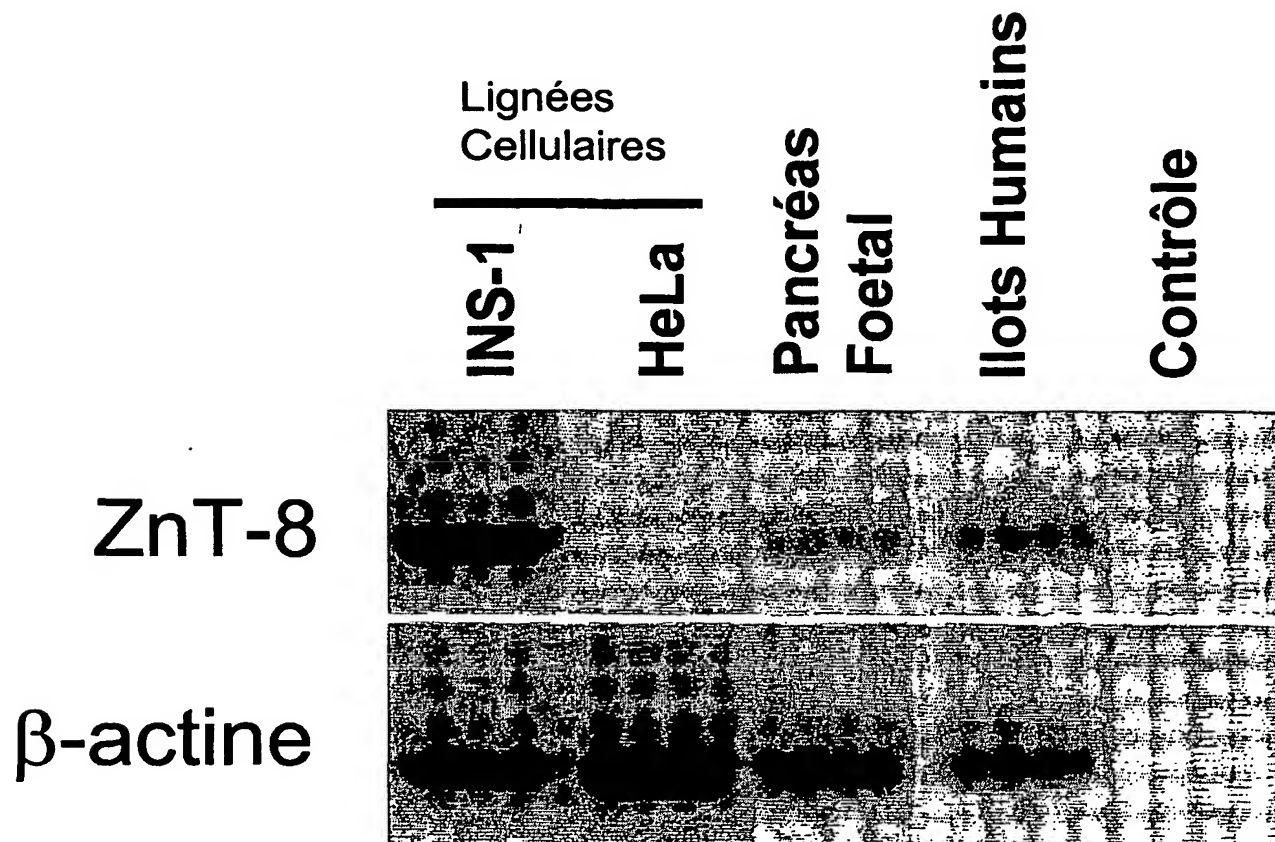


Figure 2

3/4

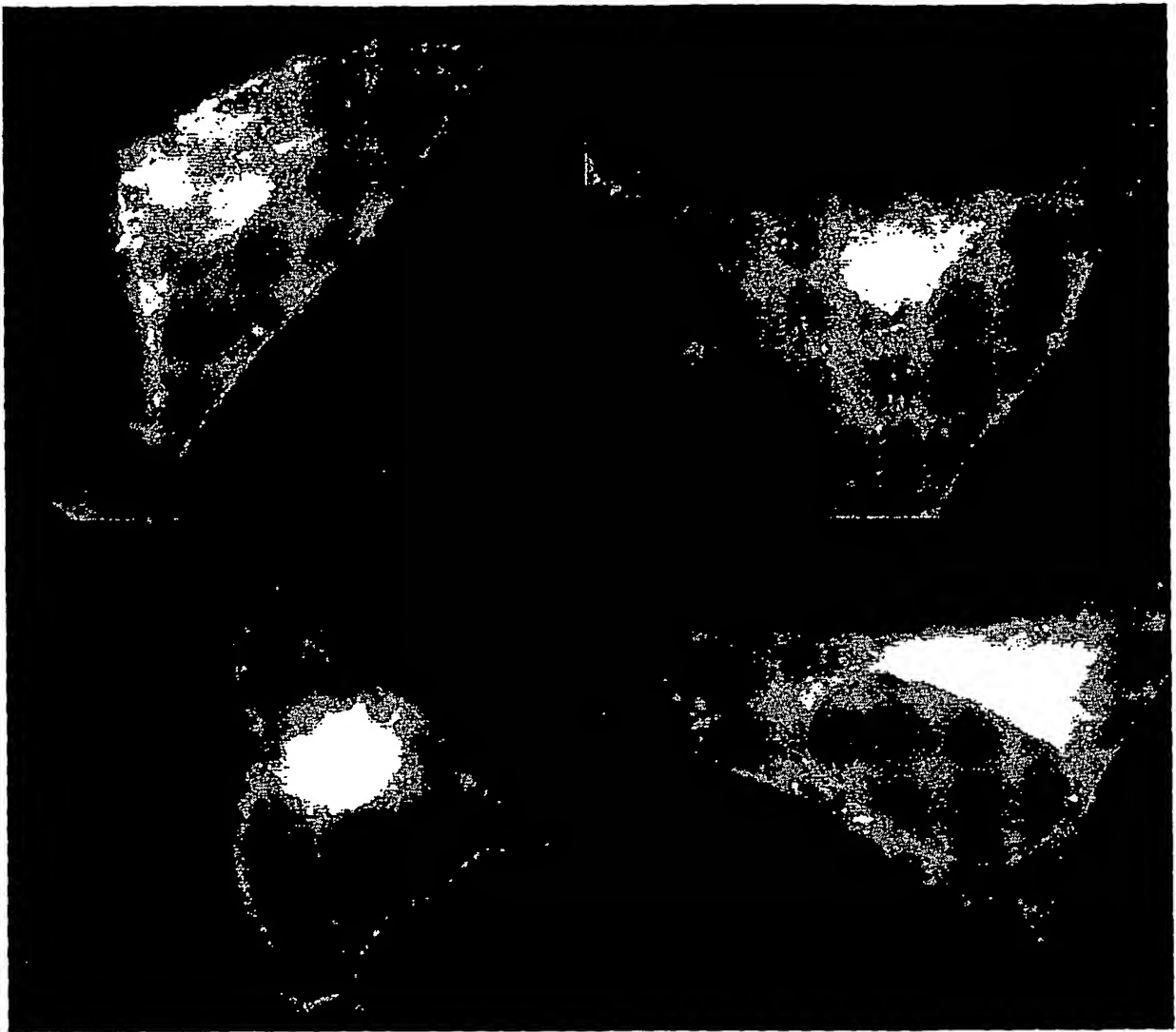


Figure 3

4/4

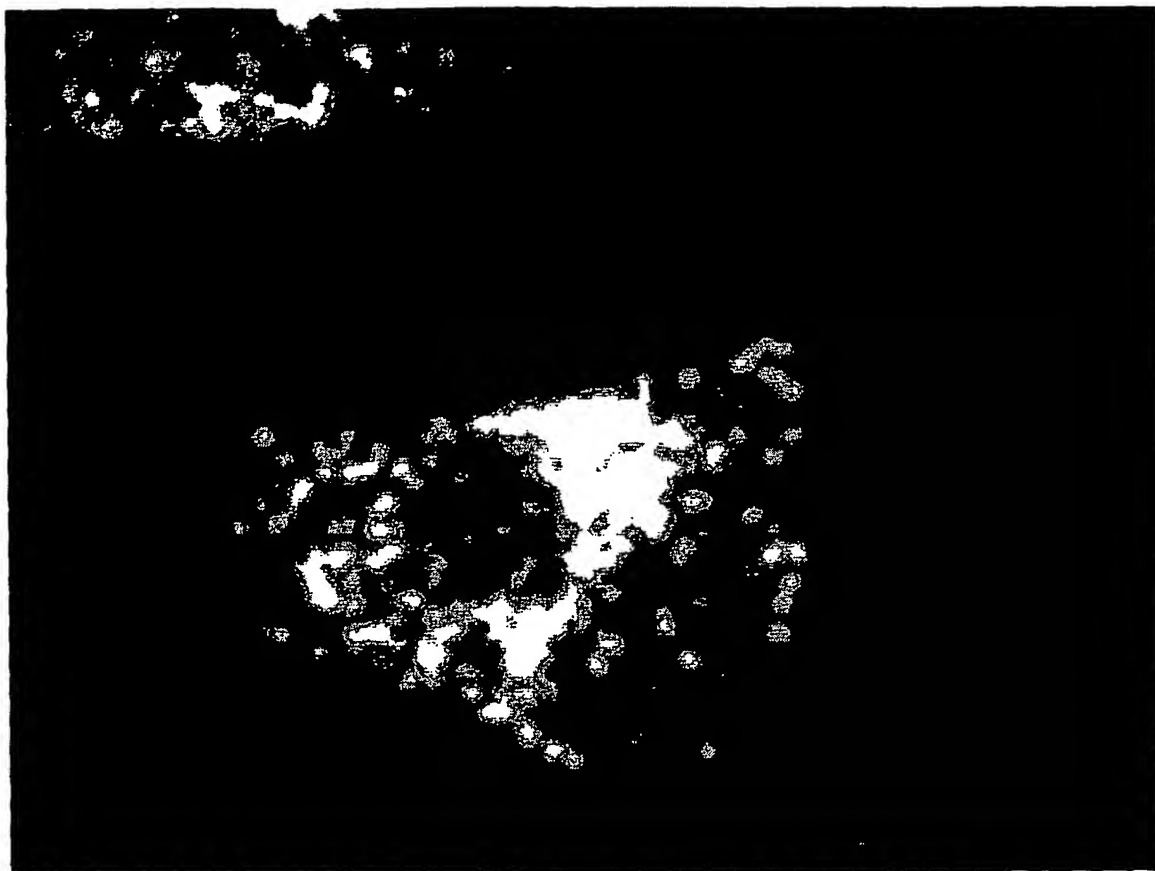


Figure 4

F263-85.ST25
SEQUENCE LISTING

<110> COMMISSARIAT A L'ENERGIE ATOMIQUE
UNIVERSITE JOSEPH FOURIER
SEVE Michel
FAVIER Alain

<120> Protéine spécifique des cellules pancréatiques bêta des îlots de Langerhans et ses applications

<130> CGA263S85

<160> 10

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1110

<212> DNA

<213> Homo sapiens

```

<400> 1
atggagtttc ttgaaagaac gtatcttgtg aatgataaag ctgccaagat gcatgctttc      60
aactagaaa gtgtggaact ccaacagaaa ccggtgaata aagatcagtg tcccagagag      120
agaccagagg agctggagtc aggaggcatg taccactgcc acagtggctc caagcccaca      180
gaaaaggggg cgaatgagta cgcctatgcc aagtggaaac tctgttctgc ttcagcaata      240
tgcttcattt tcatgattgc agaggtcgtg ggtgggcaca ttgctgggag tcttgctgtt      300
gtcacagatg ctgcccacct cttaattgac ctgaccagtt tcctgctcag tctcttctcc      360
ctgtggctgt catcgaagcc tccctctaag cggctgacat ttggatggca ccgagcagag      420
atccttggtg ccctgctctc catcctgtgc atctgggtgg tgactggcgt gctagtgtac      480
ctggcatgtg agcgcctgct gtatcctgat taccagatcc aggcgactgt gatgatcatc      540
gtttccagct gcgcagtggc ggccaacatt gtactaactg tggttttgca ccagagatgc      600
cttggccaca atcacaagga agtacaagcc aatgccagcg tcagagctgc ttttgtgcat      660
gcccttggag atctatttca gagtatcagt gtgctaatta gtgcacttat tatctacttt      720
aagccagagt ataaaatagc cgacccaatc tgcacattca tcttttccat cctggctctg      780
gccagcacca tcatctctt aaaggacttc tccatcttac tcatggaagg tgtgccaaag      840
agcctgaatt acagtgggtg gaaagagctt attttagcag tcgacggggt gctgtctgtg      900
cacagcctgc acatctggtc tctaacaatg aatcaagtaa ttctctcagc tcatgttgct      960
acagcagcca gccgggacag ccaagtgggt cggagagaaa ttgctaaagc ccttagcaaa     1020
agctttacga tgcactcact caccattcag atggaatctc cagttgacca ggaccccgac     1080
tgccttttct gtgaagaccc ctgtgactag                                     1110

```

<210> 2

<211> 369

F263-85.ST25

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Glu Phe Leu Glu Arg Thr Tyr Leu Val Asn Asp Lys Ala Ala Lys
 1 5 10 15

Met His Ala Phe Thr Leu Glu Ser Val Glu Leu Gln Gln Lys Pro Val
 20 25 30

Asn Lys Asp Gln Cys Pro Arg Glu Arg Pro Glu Glu Leu Glu Ser Gly
 35 40 45

Gly Met Tyr His Cys His Ser Gly Ser Lys Pro Thr Glu Lys Gly Ala
 50 55 60

Asn Glu Tyr Ala Tyr Ala Lys Trp Lys Leu Cys Ser Ala Ser Ala Ile
 65 70 75 80

Cys Phe Ile Phe Met Ile Ala Glu Val Val Gly Gly His Ile Ala Gly
 85 90 95

Ser Leu Ala Val Val Thr Asp Ala Ala His Leu Leu Ile Asp Leu Thr
 100 105 110

Ser Phe Leu Leu Ser Leu Phe Ser Leu Trp Leu Ser Ser Lys Pro Pro
 115 120 125

Ser Lys Arg Leu Thr Phe Gly Trp His Arg Ala Glu Ile Leu Gly Ala
 130 135 140

Leu Leu Ser Ile Leu Cys Ile Trp Val Val Thr Gly Val Leu Val Tyr
 145 150 155 160

Leu Ala Cys Glu Arg Leu Leu Tyr Pro Asp Tyr Gln Ile Gln Ala Thr
 165 170 175

Val Met Ile Ile Val Ser Ser Cys Ala Val Ala Ala Asn Ile Val Leu
 180 185 190

Thr Val Val Leu His Gln Arg Cys Leu Gly His Asn His Lys Glu Val
 195 200 205

Gln Ala Asn Ala Ser Val Arg Ala Ala Phe Val His Ala Leu Gly Asp
 210 215 220

Leu Phe Gln Ser Ile Ser Val Leu Ile Ser Ala Leu Ile Ile Tyr Phe
 225 230 235 240

Lys Pro Glu Tyr Lys Ile Ala Asp Pro Ile Cys Thr Phe Ile Phe Ser

F263-85.ST25

245 250 255

Ile Leu Val Leu Ala Ser Thr Ile Thr Ile Leu Lys Asp Phe Ser Ile
 260 265 270

Leu Leu Met Glu Gly Val Pro Lys Ser Leu Asn Tyr Ser Gly Val Lys
 275 280 285

Glu Leu Ile Leu Ala Val Asp Gly Val Leu Ser Val His Ser Leu His
 290 295 300

Ile Trp Ser Leu Thr Met Asn Gln Val Ile Leu Ser Ala His Val Ala
 305 310 315 320

Thr Ala Ala Ser Arg Asp Ser Gln Val Val Arg Arg Glu Ile Ala Lys
 325 330 335

Ala Leu Ser Lys Ser Phe Thr Met His Ser Leu Thr Ile Gln Met Glu
 340 345 350

Ser Pro Val Asp Gln Asp Pro Asp Cys Leu Phe Cys Glu Asp Pro Cys
 355 360 365

Asp

<210> 3

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Amorce

<400> 3

gatgctgccc acctcttaac tgac

24

<210> 4

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Amorce

<400> 4

tcaccttttc catcctgggc ttgg

24

<210> 5

F263-85.ST25

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Amorce

<400> 5

actctagaat ggagtttctt gaaagaacgt a

31

<210> 6

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Amorce

<400> 6

aatctagagt cacaggggtc ttcacaga

28

<210> 7

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

His Ile Ala Gly Ser Leu Ala Val Val Thr Asp Ala Ala His Leu Leu
1 5 10 15

<210> 8

<211> 15

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 8

Cys Glu Arg Leu Leu Tyr Pro Asp Tyr Gln Ile Gln Ala Thr Val
1 5 10 15

<210> 9

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Cys Leu Gly His Asn His Lys Glu Val Gln Ala Asn Ala Ser Val Arg

1	5	F263-85.ST25 10	15
---	---	--------------------	----

<210> 10

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Tyr	Phe	Lys	Pro	Glu	Tyr	Lys	Ile	Ala	Asp	Pro	Ile	Cys
1				5					10			